

19 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

12 **Offenlegungsschrift**
10 **DE 198 11 194 A 1**

21 Aktenzeichen: 198 11 194.0
22 Anmeldetag: 10. 3. 98
43 Offenlegungstag: 16. 9. 99

51 Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/82
C 07 K 7/08
C 07 K 16/32
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/00
C 12 N 5/10
A 61 K 38/17
A 61 K 38/10
A 61 K 48/00

DE 198 11 194 A 1

// C12N 15/70,15/79, 15/81,15/85, 1/19(C12N 1/21,C12R 1:19)G01N 33/68

71 Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

74 Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

72 Erfinder:
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

54 Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

57 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus normalem
Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon
kodieren und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

198 11 194 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 53 und 56-62.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 53 und 56-62
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 53 und 56-62 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen:

1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 67-70, 71, 73-81, 84-89, 93-109, 111-114, 116-137, 139-149, 153-164, 166-172, 181-182, 188-193 und 196-216.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 67-70, 71, 73-81, 84-89, 93-109, 111-114, 116-137, 139-149, 153-164, 166-172, 181-182, 188-193 und 196-216 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 64 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 65 bis Seq. ID No. 216 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 64, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt

werden können (Consensus).
 Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet (s. **Fig. 2a** und **2b1-2b4**).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. **Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren).

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen CDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. 8101., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25, 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben ge-

ordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	15
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000	20
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	25
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746	
Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	30
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0145				35
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				40

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	45
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefäßes	0.0041	
Lunge	0.0111	50
Niere	0.0124	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	55
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0082	60
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	65
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6× stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

5 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase 0.0279		0.0026	10.9109	0.0917
	Brust 0.0040		0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0000		0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines Gewebe 0.0018		0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0116		0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042		0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch 0.0014		0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000		0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000		0.0065	0.0000	undef
20	Herz 0.0021		0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000		0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037		0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034		0.0000	undef	0.0000
25	Niere 0.0089		0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019		0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060		0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119		0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus 0.0033		0.0071	0.4642	2.1544
30	Brust-Hyperplasie 0.0000				
	Duenndarm 0.0000				
	Prostata-Hyperplasie 0.0030				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017				

FOETUS
%Haeufigkeit

40	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

50	Brust 0.0272
	Eierstock-Uterus 0.0000
55	Endokrines Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
60	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

65

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5× stärker im

normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24					5
	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	10
Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901	
Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064	
Gastrointestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141	15
Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef	20
Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288	
Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874	25
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	30
Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987	
Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311	
Brust-Hyperplasie	0.0182				
Duenndarm	0.0093				35
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				40
					45
					50
					55
					60

FOETUS %Haeufigkeit

Entwicklung	0.0307				40
Gastrointestinal	0.0123				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0118				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				45
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0140				50
					55
					60

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

Brust	0.0136				50
Eierstock-Uterus	0.0068				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				55
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				60
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifft das Gegenstück eines Gens von thaliana von Caenorhabditis elegans.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000.	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30		FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0000

60 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0120	0.0044	2.7521	0.3634	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	10
Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788	
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0145				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0037	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	55
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

2.1.5 60

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

65

NORMAL TIMOR Verbaal

		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0131			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0253			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

60 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0204	0.2273	4.3993	5
Brust	0.0067	0.0240	0.2780	3.5972	
Eierstock	0.0122	0.0208	0.5843	1.7114	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0950	0.0381	2.4937	0.4010	
Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	15
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0453	0.0170	2.6568	0.3764	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0405				
Prostata-Hyperplasie	0.0416				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0023	45
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0449	
Sinnesorgane	0.0387	55

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0418		0.0383		1.0911	0.9165
	Brust	0.0267		0.0218		1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0122		0.0052		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0109		0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0136		0.0048		2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0093		0.0142		0.6550	1.5267
10	Haematopoetisch	0.0224		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0099		0.0847		0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0180		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0234		0.2612	3.8288
15	Lunge	0.0137		0.0071		1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0230		0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7130	0.5838
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0076		0.0110		0.6857	1.4584
20	Penis	0.0269		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0143		0.0021		6.7118	0.1490
	Uterus	0.0463		0.0356		1.2997	0.7694
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duennndarm	0.0312					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
25	Samenblase	0.0267					
	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0174					

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0125
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0370
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0748
40	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.1156
45	Eierstock-Uterus	0.0525
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0385
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

13

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
50	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0128			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
10	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
15	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
30		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
35	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
45	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
50	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

17

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 8

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0120		0.0109		1.1008	0.9084
	Eierstock	0.0061		0.0052		1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0136		1.0716	0.9331
	Gastrointestinal	0.0155		0.0143		1.0857	0.9211
10	Gehirn	0.0136		0.0142		0.9527	1.0496
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050		0.0065		0.7651	1.3069
	Herz	0.0170		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0095		1.1851	0.8438
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0119		0.0068		1.7366	0.5758
20	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0143		0.0064		2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
25	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
30	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0063					
35	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0164					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
40	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
45	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0291					
50	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0191					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0155					
55							
60							
65							

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100	5
Brust	0.0187	0.0087	2.1405	0.4672	
Eierstock	0.0122	0.0156	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0136	1.6075	0.6221	10
Gastrointestinal	0.0116	0.0190	0.6107	1.6375	
Gehirn	0.0119	0.0142	0.8337	1.1995	
Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650	
Hoden	0.0122	0.0351	0.3482	2.8716	
Lunge	0.0187	0.0378	0.4938	2.0251	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675	20
Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292	
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840	
Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973	
Uterus	0.0132	0.0285	0.4642	2.1544	25
Brust-Hyperplasie	0.0291				
Duenndarm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0131				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS %Haeufigkeit

Entwicklung	0.0307
Gastrointestinal	0.0247
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0236
Herz-Blutgefäesse	0.0286
Lunge	0.0111
Niere	0.0371
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0279

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0064
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0312
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0030
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
50	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
45	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
50	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				40
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				50
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0078				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				55
Prostata	0.0192				
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0046		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0120		0.0022		5.5042	0.1817	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019		0.0048		0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0085		0.0219		0.3871	2.5836	10
Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0259		0.0000	undef	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0122		0.0000		undef	0.0000	15
Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0223		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0071		0.0000		undef	0.0000	
Uterus	0.0182		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duenndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0089						25
Samenblase	0.0267						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						
							30
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0062						35
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0041						
Lunge	0.0037						
Niere	0.0124						
Prostata	0.0000						40
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0272						45
Eierstock-Uterus	0.0046						
Endokrines_Gewebe	0.0245						
Foetal	0.0047						
Gastrointestinal	0.0000						50
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0050						55
Prostata	0.0128						
Sinnesorgane	0.0000						
							60
							65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkei	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
10	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0387

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748	5
Brust	0.0080	0.0065	1.2232	0.8176	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0044	0.9676	1.0335	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0037	0.0118	0.3160	3.1643	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				25
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				

FOETUS					30
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0062				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0157				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					45
Brust	0.0068				
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0192				55
Sinnesorgane	0.0155				

60

65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000		0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0027		0.0065	0.4077	2.4527
	Eierstock 0.0030		0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018		0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0019		0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0017		0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		0.0000	undef	undef
	Haut 0.0199		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099		0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0042		0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000		0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0062		0.0118	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre 0.0000		0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017		0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089		0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0095		0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000		0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0095		0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0000		0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000				
	Duenndarm 0.0000				
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
35	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0074
	Niere 0.0000
40	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
50	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
55	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

29

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N		
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	10
Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	20
Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0123	
Lunge	0.0000	40
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	50
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	55
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0000	60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

		FOETUS %Haeufigkeit
30		
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45		
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0321
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0068	0.0011	6.1928	0.1615	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068	
Eierstock-Uterus	0.0183	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	55
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefasse	0.0000	
	Lunge	0.0037	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0046	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
50	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0192	
	Sinnesorgane	0.0077	

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	10
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337	30
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenn darm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	30
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefasse	0.0041	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0041	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0154
35	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0077

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
					30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0037				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0122				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				55
Prostata	0.0064				
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0468
	Lunge	0.0082
55	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0163	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0170	0.0131	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
30	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0247			
	Gehirn	0.0125			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
45	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
50	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0064			
55	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef	5
Brust	0.0093		0.0065		1.4270	0.7008	
Eierstock	0.0091		0.0130		0.7012	1.4262	
Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0027		2.0093	0.4977	
Gastrointestinal	0.0039		0.0190		0.2036	4.9124	
Gehirn	0.0008		0.0033		0.2580	3.8754	10
Haematopoetisch	0.0112		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0053		0.0137		0.3854	2.5949	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329	15
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2855	3.5025	
Niere	0.0089		0.0137		0.6512	1.5355	
Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0095		0.0021		4.4745	0.2235	
Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duenndarm	0.0093						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						
Samenblase	0.0000						25
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
FOETUS							30
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0154						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0039						
Herz-Blutgefuesse	0.0082						35
Lunge	0.0074						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						
Eierstock-Uterus	0.0297						45
Endokrines_Gewebe	0.0245						
Foetal	0.0082						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0057						
Haut-Muskel	0.0032						
Hoden	0.0156						50
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0080						
Prostata	0.0064						
Sinnesorgane	0.0000						55
							60
							65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock 0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0248	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge 0.0261	0.0095	2.7652	0.3616
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0095	0.0000	undef	0.0000
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
35	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
40	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
45	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
50	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0246			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0064			
55	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0604	0.0291	2.1491	0.4653
	Brust	0.0360	0.0327	1.1008	0.9084
	Eierstock	0.0578	0.0104	5.5509	0.1801
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0322	0.0372	0.8652	1.1558
10	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.2822	0.0259	10.9034	0.0917
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0366	0.0117	3.1341	0.3191
15	Lunge	0.0560	0.0331	1.6930	0.5907
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0240	2.2127	0.4519
	Niere	0.0089	0.0342	0.2605	3.8388
	Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
20	Penis	0.0359	0.1066	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0479	0.0142	3.3652	0.2972
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0249			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0017			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung
	Gastrointestinal
	Gehirn
35	Haematopoetisch
	Herz-Blutgefuesse
	Lunge
	Niere
	Prostata
40	Sinnesorgane

	NORMIERTE/ SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust
45	Eierstock-Uterus
	Endokrines Gewebe
	Foetal
	Gastrointestinal
	Haematopoetisch
50	Haut-Muskel
	Hoden
	Lunge
	Nerven
	Prostata
55	Sinnesorgane

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0325	0.0332	0.9792	1.0213	5
Brust	0.0293	0.0196	1.4950	0.6689	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451	1.5502	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0636	0.1649	0.3854	2.5949	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818	15
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841	0.4378	
Niere	0.0208	0.0137	1.5196	0.6581	
Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142	0.5834	
Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef	20
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0218				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0588				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1045				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	30
Gastrointestinal	0.0123	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	35
Lunge	0.0148	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	40

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock-Uterus	0.0114	45
Endokrines_Gewebe	0.1224	
Foetal	0.0122	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0291	
Hoden	0.0000	50
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0385	
Sinnesorgane	0.0000	55

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch 0.0014	0.0378	0.0370	27.0549
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duennndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
25	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			

30	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0123
35	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefasse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
40	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
	Gastrointestinal 0.0122
50	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0090
55	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N	
						5
	Blase	0.0372	0.0230	1.6164	0.6186	
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000	10
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696	
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0300	0.4262	2.3462	
	Gastrointestinal	0.0271	0.0333	0.8143	1.2281	
	Gehirn	0.0059	0.0471	0.1260	7.9354	15
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0050	0.0259	0.1913	5.2277	
	Herz	0.0201	0.0137	1.4644	0.6829	
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	20
	Lunge	0.0274	0.0189	1.4485	0.6904	
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355	
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876	
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	25
	Prostata	0.0333	0.0106	3.1322	0.3193	
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0036				
	Duennndarm	0.0280				
	Prostata-Hyperplasie	0.0357				30
	Samenblase	0.0890				
	Sinnesorgane	0.0235				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
	FOETUS					35
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				40
	Gastrointestinal	0.0031				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				45
	Herz-Blutgefuesse	0.0041				
	Lunge	0.0222				
	Niere	0.0309				
	Prostata	0.0249				
	Sinnesorgane	0.0000				50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					55
	Brust	0.0000				
	Eierstock-Uterus	0.0183				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0227				60
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0162				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0082				65
	Nerven	0.0050				
	Prostata	0.0256				
	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.0048	0.0048	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0008	0.0044	0.0044	0.0044	0.1935	5.1673
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.1693	0.1693	0.1693	0.0294	34.0525
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0024	0.0024	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0095	0.0021	0.0021	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0208	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
45	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef	5
Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702	
Eierstock	0.0122		0.0234		0.5194	1.9254	
Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861	
Gastrointestinal	0.0116		0.0095		1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0051		0.0164		0.3096	3.2295	
Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000	10
Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0085		0.0137		0.6166	1.6218	
Hoden	0.0061		0.0117		0.5224	1.9144	
Lunge	0.0075		0.0095		0.7901	1.2657	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0030		0.0068		0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0076		0.0055		1.3713	0.7292	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	20
Prostata	0.0119		0.0043		2.7966	0.3576	
Uterus	0.0083		0.0071		1.1604	0.8618	
Brust-Hyperplasie	0.0036						
Duenndarm	0.0093						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						25
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026						
FOETUS							30
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0154						
Gehirn	0.0125						
Haematopoetisch	0.0157						35
Herz-Blutgefuesse	0.0041						
Lunge	0.0037						
Niere	0.0062						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0140						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						
Eierstock-Uterus	0.0046						45
Endokrines_Gewebe	0.0245						
Foetal	0.0117						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0130						50
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0164						
Nerven	0.0110						
Prostata	0.0192						
Sinnesorgane	0.0000						55
							60
							65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059	0.2852
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0495	0.0065	7.6515	0.1307
	Herz	0.0074	0.0137	0.5395	1.8535
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513	0.5402
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata	0.0333	0.0149	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenn darm	0.1028			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0462
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0197
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
40	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0256
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ.ID No.: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0137	0.0024	5.7939	0.1726
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
45	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0486
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0465	0.0741	0.6271	1.5947
	Brust	0.0386	0.0501	0.7711	1.2968
	Eierstock	0.0334	0.0546	0.6121	1.6336
	Endokrines_Gewebe	0.0310	0.0300	1.0351	0.9661
	Gastrointestinal	0.0252	0.0190	1.3232	0.7558
	Gehirn	0.0458	0.0701	0.6532	1.5310
10	Haematopoetisch	0.0112	0.1135	0.0986	10.1456
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0347	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.1123	0.1375	0.8170	1.2240
	Hoden	0.0366	0.0468	0.7835	1.2763
15	Lunge	0.0535	0.0449	1.1920	0.8389
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0685	0.1860	0.3684	2.7145
	Niere	0.0119	0.0890	0.1336	7.4857
	Pankreas	0.0151	0.0828	0.1828	5.4691
20	Penis	0.1018	0.0533	1.9092	0.5238
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0545	0.2634	0.2070	4.8311
	Brust-Hyperplasie	0.0981			
	Duennndarm	0.0312			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1383			
	Gastrointestinal	0.0924			
	Gehirn	0.0063			
35	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefasse	0.0654			
	Lunge	0.0592			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.2992			
40	Sinnesorgane	0.0279			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
45	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
50	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0387			

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860	11.6263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136	
Eierstock-Uterus	0.0114	45
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

40

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
45	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

55

60

65

65

		NORMAL	TUMOR.	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
15	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
25	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
40	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
45	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 56

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0000		0.0000		undef	undef	5
Brust	0.0013		0.0022		0.6116	1.6351	
Eierstock	0.0061		0.0000		undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861	
Gastrointestinal	0.0039		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0008		0.0077		0.1106	9.0427	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329	15
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Prostata	0.0119		0.0021		5.5932	0.1788	
Uterus	0.0033		0.0142		0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Duennndarm	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						25
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
FOETUS							30
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0125						
Haematopoetisch	0.0039						35
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0074						
Niere	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0279						40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0000						
Eierstock-Uterus	0.0183						45
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0041						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0032						50
Hoden	0.0156						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0020						
Prostata	0.0128						
Sinnesorgane	0.0000						55
							60
							65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0187	0.0065	2.8540	0.3504
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1669	5.9900
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0082	2.4559	0.4072
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327	3.0061
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
40	Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
45	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0064
55	Sinnesorgane	0.0000

60

65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721	
Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422	
Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0895	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0182				
Duennndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
					30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				35
Haematopoetisch	0.0157				
Herz-Blutgefuesse	0.0082				
Lunge	0.0148				
Niere	0.0124				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0160				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0082				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				50
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0128				
Sinnesorgane	0.0000				55
					60
					65

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30
FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0245	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0078	0.0190	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0119	0.0022	5.4187	0.1845
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0757	0.0924	10.8219
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
15	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
25	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

30	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
45	Eierstock-Uterus	0.0183
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
50	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0155

55

60

65

67

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
	Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
	Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
10	Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
	Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
	Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
	Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
	Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenn darm	0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0393			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0249			
40	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0476			
	Eierstock-Uterus	0.0571			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
50	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0291			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
55	Sinnesorgane	0.0310			

2.2 Fisher-Test

60 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, FortWorth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine
65 Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

5

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

10

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz s. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

15

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

20

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle 1 beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostata-Tumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der Angemeldeten Sequenz
1	im normalen Prostatagewebe und in Brust- und Blasen Tumoren erhöht	humanes MAT8		222	730
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	mit humanem Zyxin im 3'-Bereich verwandt		202	1436
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		207	706
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	1, D1S468-D1S214	215	1263
5	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humaner Transkriptionsfaktor SUPT4H. Das Hefe-Homolog ist für eine exakte Weitergabe der Chromosomen während der Zellteilung mit verantwortlich.	17	179	817
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		225	1329
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		231	761
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	unbekannt	10, D10S551-D10S532	248	1227
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	Prä-mRNA splicing-Faktor Protein-Kinasen Inhibitor	6	243	913
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	humanes MVF-1		315	1126
11	im normalen Prostatagewebe erhöht	unbekannt		261	537
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Tax1 ist ein viraler Transaktivator. Das Tax1-bindende Protein verfügt sehr wahrscheinlich über eine Hemmfunktion für solche Transaktivatoren.		219	626
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Timp-3: Tissue inhibitor of metalloproteinases-3		210	386
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4 besitzt eine von der Bindungsstelle abhängige Fähigkeit, Transkription zu unterdrücken.		217	847
15	ausschließlich in der normalen Prostata	vermutlich humaner Beta-1-adrenerger Rezeptor, humane Sequenz ist nicht publiziert		232	813

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	Signaltransduktion		210	573
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, geringe Homologie zu einem Transkriptionsfaktor von <i>Aspergillus nidulans</i> (quR)		244	486
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		215	662
19	ca. 2x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		225	750
20	ca. 2x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		214	756
21	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechenden Normalgeweben	Vermutlich humanes Homolog des <i>Drosophila</i> Janus-A Gens. Die Janus (JaK) Familie der Nichtrezeptor-Tyrosinkinasen spielt eine wichtige Rolle in der Signaltransduktion von Cytokinen		229	1001
22	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	2, D2S165-D2S146	234	896
23	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt; möglicherweise humanes Gegenstück zu einem unbekannten Gen auf Hefe Chromosom IX		184	580
24	5x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	vermutlich humanes Gegenstück eines unbekannten Gens auf Hefe Chromosom XVI		237	740
25	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	3p21.1	256	857

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, möglicherweise neues Ca ²⁺ -bindendes Protein, da beide Treffer (Sorcin, ALG-2) solche Proteine darstellen.		219	975
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		259	854
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	möglicherweise entfernter Verwandter der Familie MARCKS-Proteine ("myristoylated alanine-rich C kinase substrate")	11, D11S4076-D11S913 (64-70cM)	288	802
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		224	807
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines thaliana von Caenorhabditis elegans		276	777
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, humaner Klon hat Homologie zu einem hypothetischen Protein aus Cyanobakterien		238	501
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück einer Glykosyl Transferase unbestimmter Spezifität aus Arabidopsis thaliana	3p21.1	284	1104
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Ligand der Yes-Kinase		208	809
34	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen und Mammatumoren erhöht	Homolog zu der humanen peptidyl-prolyl Isomerase (PIN1)		217	580
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	unbekannt		223	825
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		293	798

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	5'-UTR des PGMRP-Gens		271	456
38	in normalem Prostatagewebe erhöht	humaner plasma protease (C1) inhibitor		262	1742
39	in Prostata-tumoren erhöht	homolog zu Monozyten chemotaktischer Faktor (Human)		287	802
40	ca. 2x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, 27x(!) stärker in haematopoetischen Tumoren, verglichen mit Normalgeweben	vermutlich neue humane Lysophospholipase I (Serin-Hydrolase). Die Homologie zum Mausgen (61 % auf Aminosäure-Ebene) läßt vermuten, daß es sich um ein neues Mitglied der Gen-Familie handelt.		267	1183
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		270	768
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt	17, (58-65 K cM)	279	1029
43	ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		237	736
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Id-1 ("inhibitor of DNA binding /differentiation") Helix-Loop-Helix Transkriptionsfaktor	20q11 (47-49 K cM)	305	1216
45	in normalem Prostatagewebe und in Hauttumoren erhöht	unbekannt		259	1158
46	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt	6	159	689
47	in normalem prostataischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	humane aminopeptidase N/CD13		239	1223
48	in normalem Prostata- und Pankreasgewebe erhöht	humanes DNA-bindendes Protein ABP/ZF		297	958

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromo- somen- Lokal.	EST Aus- gangslän- ge	Länge der angemelde- ten Sequenz
49	in normalem Prostatagewebe erhöht	humaner cyclin-dependent kinase inhibitor I	6, D6S276- D6S439	232	572
50	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		250	1185
51	in normalem Prostatagewebe und in haematopoe-tischen Tumoren erhöht	humanes SPARC/ostectin. Für ein homoges Protein, Hevin, wurde eine verminderte Expression im metastatischen Prostatakarzinom nachgewiesen.		261	1027
52	in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	unbekannt		261	984
53	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt		246	621
54	in normalem Prostatagewebe und in Skelettumoren erhöht	humanes B4-2 Protein		239	1128
55	in normalem Prostatagewebe und hepatischen Tumoren erhöht	humanes TRAMP Protein, dieses Protein ist an der Translokation von neugebildeten Proteinen in das endoplasmatische Reticulum beteiligt.		267	1121
56	in normalem Prostatagewebe und in Uterustumoren erhöht	unbekannt		160	876
57	in normalem Prostatagewebe erhöht	unbekannt, möglicherweise kodiert die vorliegende DNA- Sequenz für ein homologes Protein aus der Familie der Methyl-CpG-bindenden Proteine		288	1328
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	humanes Gegenstück eines unbekannten Hefe-Proteins	11, D11S1311- D11S923 (97-102 cM9)	310	697
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt		378	1389

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Chromosomen-Lokal.	EST Ausgangslänge	Länge der angemeldeten Sequenz
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	unbekannt, Basen 460-530 kodieren möglicherweise für ähnliche Exons, welche in verschiedenen Genen durch alternatives Spleißen reguliert sind.		260	535
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	unbekannt	16p13	216	1097
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	unbekannt		302	1860
63	in normalem Prostata-, Blasen- und Brusttumoren erhöht	Humanes CAPL Protein		238	535

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
1	65
2	66
3	67
	68
	69
	70
4	71
5	72
6	73
7	74
8	75
	76
	77
	78
	79
	80
	81
9	82
10	83
11	84
	85
	86
	87
	88
	89
12	90
14	91
16	92
17	93
	94
	95
	96
18	97
	98
	99
	100
	101
19	102

DE 198 11 194 A 1

DNA-Sequenz		Peptid-Sequenz (ORF's)
Seq. ID. No.		Seq. ID. No.
		103
		104
5		105
	20	106
		107
	21	108
		109
10	22	110
	23	111
		112
		113
	24	114
15	25	115
	26	116
	27	117
		118
		119
20	28	120
		121
		122
		123
		124
25	29	125
		126
		127
		128
	30	129
30		130
		131
	31	132
	32	133
	33	134
35		135
		136
		137
	34	138
	35	139
40		140
		141
		142
		143
		144
45		145
		146
	36	147
		148
		149
50	38	150
		151
	39	152
	40	153
	41	154
55		155
		156
		157
	42	158
		159
60		160
		161
	43	162
		163
		164
65	44	165
	45	166
		167
	46	168

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.	
	170	
	171	
	172	5
47	173	
48	174	
49	175	
	176	
	177	10
	178	
	179	
	180	
50	181	
	182	15
51	183	
	184	
	185	
	186	
	187	20
52	188	
	189	
	190	
	191	
	192	25
	193	
54	194	
55	195	
56	196	
	197	30
	198	
	199	
57	200	
58	201	
59	202	35
	203	
	204	
	205	
	206	
60	207	40
	208	
	209	
61	210	
	2111	
	212	45
	213	
62	214	
	215	
	216	50

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatagewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 730 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CTGCTGATCC	TGAAATTGTA	CCAGCGGCAA	GATGTGGCCT	GGAAGGGGAC	TTTAAGTTCT	60	
CCACAACCTGC	CAGCAATCCT	TCCACCAGGC	AAAACACATC	ATCTAAGGAA	AAGAAGTGAG	120	5
GTTTGCTTAG	GGCGTGGCAG	CTTCGGATAA	ACGCAGGACT	CCGCCTGGCA	GCCCCGATTTC	180	
TCCCGGAACC	TCCTGCTCAG	CCTGGTGAAC	CACACAGGCC	AGCGCTCTGA	CATGCAGAAG	240	
GTGACCTGG	GCCTGCTTGT	GTTCTTGGA	GGCTTTCTTG	TCCTGGACGC	CAATGACCTA	300	
GAAGATAAAA	ACAGTCCTTT	CTACTATGAC	TGGCACAGCC	TCCAGGTTGG	CGGGCTCATC	360	
TGCGCTGGGG	TTCTGTGCGC	CATGGGCATC	ATCATCGTCA	TGAGTGCAAA	ATGCAAATGC	420	10
AAGTTTGCC	AGAAGTCCGG	TCACCATCCA	GGGGAGACTC	CACCTCTCAT	CACCCCAGGC	480	
TCAGCCCAAA	GCTGATGAGG	ACAGACCAGC	TGAAATTGGG	TGGAGGACCG	TTCTCTGTCC	540	
CCAGGTCCTG	TCTCTGCACA	GAAACTTGAA	CTCCAGGATG	GAATTCTTCC	TCCTCTGCTG	600	
GGACTCCTTT	GCAATGGCAGG	GCCTCATCTC	ACCTCTCGCA	AGAGGGTCTC	TTTGTTC AAT	660	
TTTTTTTAAT	CTAAAATGAT	TGTGCCTCTG	CCCAAGCGGA	AAAGAGGAAA	AGAAGGAAGG	720	15
AAAAGGGGG						729	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

CTCCTTGGA	GTCCCCCTTC	AGCTCCAGC	CTCTGCCCA	GGTTCCGGCT	CCGGCTCAGA	60	
GCCAGACACA	GTTCCATGTT	CAGCCCCAGC	CCCAGCCCAA	GCCTCAGGTC	CAACTCCATG	120	
TCCAGTCCCA	GACCCAGCCT	GTGTCTTTGG	CTAACACCCA	GCCCCGAGGG	CCCCCAGCCT	180	50
CATCTCCGGC	TCCAGCCCCCT	AAGTTTTCTC	CAGTGACTCC	TAAGTTTACT	CCTGTGGCTT	240	
CCAAGTTTCA	TCCTGGAGCC	CCAGGTGGAT	CTGGGTCACA	ACCAAATCAA	AAATTGGGGC	300	
ACCCCGAAGC	TCTTTCTGCT	GGCACAGGCT	CCCCTCAACC	TCCCAGCTTC	ACCTATGCCC	360	
AGCAGAGGGA	GAAGCCCCGA	GTGCAGGAGA	AGCAGACCCC	CGTGCCCCCA	CCGGCTCAGA	420	
ACCAAAAACCA	GGTGCCTTCC	CCTGGGGCCC	CAGGGCCCTT	GACTCTGAAG	GAGGTGGAGG	480	55
AGCTGGAGCA	GCTGACCCAG	CAGCTAATGC	AGGACATGGA	GCATCCTCAG	AGGCAGAATG	540	
TGGCTGTCAA	CGAACTCTGC	GGCCGATGCC	ATCAACCCCT	GGCCCGGGCG	CAGCAGCCGT	600	
CCGCGCTCTA	GGGCAGCTGT	TCCACATCGC	CTGCTTCAAC	TGCCACCAGT	GTGCGCAGAG	660	
CTCCAGGGCC	AGCAGTTCTA	CAGTCTGGAG	GGGGCGCCGT	ACTGCGAGGG	CTGTTACACT	720	
GACACCCTGG	AGAAGTGTA	CACCTGCGGG	GAGCCCATCA	CTGACCGCAT	GCTGAGGGCC	780	60
ACGGGCAAGG	CCTATCACCC	GCACTGCTTC	ACCTGTGTGG	TCTGCGCCCG	CCCCCTGGAG	840	
GGCACCTCCT	TCATCGTGGA	CCAGGCCAAC	CGGCCCACT	GTGTCCCCGA	CTACCACAAG	900	
CAGTACGCCC	CGAGGTGCTC	CGTCTGCTCT	GAGCCCATCA	TGCCTGAGCC	TGGCCGAGAT	960	
GAGACTGTGC	GAGTGGTCGC	CCTGGACAAG	AACTTCCACA	TGAAGTGTTA	CAAGTGTGAG	1020	
GACTGCGGGA	AGCCCCTGTC	GATTGAGGCA	GATGACAATG	GCTGCTTCCC	CCTGGACGGT	1080	65
CACGTGCTCT	GTCGGAAGTG	CCACACTGCT	AGAGCCGAGA	CCTGAGTGAG	GACAGGCCCT	1140	
CTTCAGACCG	CAGTCCATGC	CCCATTGTGA	GCCACCCACA	CTGAGACCAC	CTGCCCCCAC	1200	

CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCCAA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG 1260
 TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT 1320
 CCTCGCCCAT CCTGCAGGGA TTGCCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC 1380
 5 AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCCA 1436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

35 TGCGGCCCGG GCCTTAAAGC GTCCATTTCC CAGCGGCCCT CCGCTGCGAG ACCGCAGCCC 60
 TTCTCTGGAG TCTCAGAGCC GCAAGACACC ACGACTCCCA GAGGACCTTG CGTCGGGCAA 120
 GAAAGACTAC ACCTTCCAGA GGCCTCTGCG GCGCCGCGAC AGGAAGCGGC GGGCGAGCCG 180
 AGTGTCCCTG CGCGTGGATC CGAGCGACCA TGGTGGCCCG GGTGTGGTCG CTGATGAGGT 240
 40 TCCTCATCAA GGGAAAGTGTG GCTGGGGGCG CCGTCTACCT GGTGTACGAC CAGGAGCTGC 300
 TGGGGCCAG CGACAAGAGC CAGGCAGCCC TACAGAAGGC TGGGGAGGTG GTCCCCCCCG 360
 CCATGTACCA GTTCAGCCAG TACGTGTGTC AGCAGACAGG CCTGCAGATA CCCCAGCTCC 420
 CAGCCCCTCC AAAGATTTAC TTTCCCATCC GTGACTCCTG GAATGCAGGC ATCATGACGG 480
 TGATGTCAGC TCTGTCGGTG GCCCCCTCCA AGGCCCGCGA GTA CTCCAAG GAGGGCTGGG 540
 45 AGTATGTGAA GGCGCGCACC AAGTAGCGAG TCAGCAGGGC CGCCTGCCCC GGCCAGAACG 600
 GGCAGGGCTG CCACTGACCT GAAGACTCCG GACTGGGACC CCACTCCGAG GGCAGGCCTC 660
 CCGATTGCCG GCCCAATAAA GGACTTCAGA AGTGAAAAA AAAAAA 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1263 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

10

CACTGGGATG GGCATACACT ACTCACAGGG TGTGTGAGAT GAGAAGAACA CGTCAAGTT 59
 TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA CTGTATGAAA GCTACACAAA 119
 AATGGGCAGA CATTGTGGTTA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TGTATGTTCA GAAAAGCATT 179
 TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTTCATGG CTTAATGAAT TTTTTCATTG 239
 TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT TGAAAACCAG ACAGACGGCC 299
 GTGAGCCACC ACGCCAGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC AGGATTTGGT AAGTGATTGA 359
 CTTCTTTTGA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTGTAGCTT TATAAATTTA GCAGTGGCAG 419
 GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTCTG GGTATTTGCT GCCAAGGCCA 479
 CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAAGT TCAAGAGATT TATTTTTCCTA TTGCAGGTTT 539
 TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GGAAATAGG TACTGTCAGA ACAAAGCTAC CTGGAAACAG 599
 CATAGAGTGA AGCCTTTCGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC TGAGTGGCAG TTTACAGAAG 659
 AGGTCGCGGG GTGAGCCTCT TAGCAGGACA GAAAACAAGG CAGCAGCGCA CCTGCCACCC 719
 CTTACAGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTCAATTTA 779
 CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTCCCTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 839
 GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 899
 CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 959
 ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCC CCTCTGTCAT 1019
 GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT 1079
 TGGGAAGACC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAACTGAA 1139
 CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTACAA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTCAAATTT 1199
 TGAATTTTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTAAATAAA AACTGCACTT 1259
 GGAT 1263

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 817 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

60

CTGCGACGCG CTCCGGCCCA GGTGGCGGCC GGCCGCCAG CCTCCCCGCC TGCTGGCGGG 60
 AGAAACCATC TCCTCTGGCG GGGTAGGGG CGGATGGCGT CCGACCACAC CGGAAGAGG 119
 AAGTCTAAGC GCCGGAAGTG GTGGGCATTC TGGGTAACGA GCTATTTACT TCCTGCGGGT 179
 GCACAGGCTG TGGTCGTCTA TCTCCCTGTT GTTCTTCCCA TCGGCGAAGA TGCCCTGGA 239
 GACGGTGCCG AAGGACCTGC GGCATCTGCG GGCCTGTTTG CTGTGTTTCG TGGTCAAGAC 299

65

TATAGACCAG TTTGAATATG ATGGTTGTGA CAATTGTGAT GCATATCTAC AAATGAAGGG 359
 TAACCGAGAG ATGGTATATG ACTGCACTAG CTCTTCCTTT GATGGAATCA TTGCGATGAT 419
 GAGTCCAGAG GACAGCTGGG TCTCCAAGTG GCAGCGAGTC AGTAACTTTA AGCCAGGTGT 479
 5 ATATGCGGTG TCAGTCACTG GTCGCCTGCC CCAAGGAATC GTGCGGGAGC TGAAGAAGTCG 539
 AGGAGTGGCC TACAAATCCA GAGACACAGC TATAAAGACC TAGCAAGATG CAAGGCTGCC 599
 AGCATCTTTG CTCTCCACCT CCTGCCTCTG CTTATTTCTT GTTCTGGAAC TAAATGAACA 659
 GAACTTCAAA TACTTCCTAC CCTCCAATTC AGACTCAGCG CGACTGTTGA GAGAGCAGCA 719
 CATCATTTTA TCATTTTATC TTCTTTGGAC TACAGGTGGG TGGGAGGGAT TTGGGTTGG 778
 10 TGGATTAACA GATGGAATTG AGGAGAGAGT AGGATGCTG 817

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG 60
 GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120
 GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180
 TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240
 45 AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAAACTTGG CCATCCTAGA 300
 GAAAATTAAA AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360
 GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420
 CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACCTCT 480
 CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540
 50 AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600
 TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660
 CATGGAACCT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720
 GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCAGCAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780
 TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840
 55 AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900
 CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960
 CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA 1020
 TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAGC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC 1080
 TGACTTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCTTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA 1140
 60 GAAACCTTTC AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC 1200
 TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG 1260
 GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAA AATTACAGTT 1320
 TGTTAATTT 1329

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

25

CCGGTCCGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGC GGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT 120
 GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCTCTGG TGTCAGAGCG 180
 GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA 240
 GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG 300
 TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT 360
 GCAGCGGTTT AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC 420
 TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA 480
 GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT 540
 TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA 600
 GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT 660
 GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCCTGGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT 720
 CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACCA

761

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1227 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

5 GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC 60
 TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
 GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
 GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAAC 240
 TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCAGATTGC AACTATGCTG 300
 10 GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
 AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
 AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
 GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
 TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600
 TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTCTACT TTTAAATTTA GTAGGTTTAC TGAGTAACTA 660
 15 AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
 ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
 TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
 ACATCTGGGT ATTTGGAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
 CTGTTTCATCC TGAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
 20 CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC 1020
 CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT AAAAAAGGAA ATAACCTTAA 1080
 AACTATTCTC AAGAGAAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTCC AGAATACAAA 1140
 CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTTCGA TATTTATTGA ACTGTCTAAT 1200
 25 TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCA
 1227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

60 GGCGGTGGTC CGCCATTTTCG TGGACGCCGG GTGAGTGAGA GAGTTGGTTG GTGTTGGGC 59
 CGGAGGAAAG CGGGAAGACT CATCGGAGCG TGTGGATTG AGCCGCCGCA TTTTTTAACC 119
 CTAGATCTCG AAATGCATCG TGATTCCTGT CCATTGGACT GTAAGGTTTA TGTAGGCAAT 179
 CTTGGAACAA ATGGCAACAA GACGGAATTG GAACGGGCTT TTGGCTACTA TGGACCACTC 239
 CGAAGTGTGT GGGTTGCTAG AAACCCACCC GGCTTTGCTT TTGTTGAATT TGAAGATCCC 299
 CGAGATGCAG CTGATGCAGT CCGAGAGCTA GATGGAAGAA CACTATGTGG CTGCCGTGTA 359
 AGAGTGGAAC TGTCGAATGG TGAAAAAGA AGTAGAAATC GTGGCCCACC TCCCTCTTGG 419
 65 GGTCGTCGCC CTCGAGATGA TTATCGTAGG AGGAGTCCTC CACCTCGTCG CAGATCTCCA 479
 AGAAGGAGAA GCTTCTCTCG CAGCCGGAGC AGGTCCCTTT CTAGAGATAG GAGAAGAGAG 539
 AGATCGCTGT CTCGGGAGAG AAATCACAAG CCGTCCCGAT CCTTCTTAG GTCTCGTAGT 599
 CGATCTAGGT CAAATGAAAG GAAATAGAAG ACAGTTTGCA AGAGAAGTGG TGTACAGGAA 659

ATTACTTCAT TTGACAGGAG TATGTACAGA AAATTCAAGT TTTGTTTGAG ACTTCATAAG 719
 CTTGGTGAT TTTTAAGATG TTTTAGCTGT TCAAATCTGT TTGTCTCTTG AAACAGTGAC 779
 ACAAAGGTGT AATTCTCTAT GGTGTGAAAT GGATCATACG AGGCATGTAA TACCAAGAAT 839
 TGTTACTTTA CAATGTTCCC TTAAGCCAAA ATTGAATTTG CTTTGAACCT TTAGTTATGC 899
 ACAGACTGAT AATA 913

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1126 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

gaggcagccc tgacactatg ccacctgctg agctcctggg tgtcactaga gaggcctcaca 60
 ctctcctaca atggcctggg ctctaacatc ttccgcctgc tagacagcct gcggggccctg 120
 tcaggccagg ctggatgtcg cctccgtgcc ctgcatctca gtgacctgtt ctcaccactg 180
 cccatcctgg agctgacacg tgctatcgtg cgagcactgc ccctgctacg ggtcctctct 240
 attcgtgttg accacccaag ccagcgggac aacctgggtg tgccaggga tgcagggcc 300
 cctagccaca taataggcga tgaggagata ccagaaaact gcctggagca gttggagatg 360
 ggnatttcca cggggagccc agccagcccc actgctgtgc tccgttctga aggcctcggg 420
 ttctctgcag cagctgtccc tggatagtgc cacctttgcc tctccccagg attttgggct 480
 tgttttgcaa aactcaaag agtacaacct agccctgaaa agactgagct tccatgacat 540
 gaatctcgct gactgtcaga gcgagggtgt ctttttgcta cagaatctga ctctgcaaga 600
 gattaccttc tcttctgcc gtctgtttga gaagcgccca gcccaatttc tgcctgagat 660
 gggtgctgct atgaagggca actccacact gaaggccctc cggtgccag ggaaccgct 720
 ggggaatgct ggctgctgg ccttggcaga tgttttctca gaggattcat cctcctctct 780
 ctgtcagctg gacatcagtt ccaactgcat caagccagat gggcttctgg agttcgccaa 840
 gcggctggag cgctggggcc gtggagcctt tggtcacctg cgctcttcc aaaactggct 900
 ggaccaggat gcagtcacag ccagggaagc catccggcgg ctccgggcta cctgccatgt 960
 ggtagcgac tcatgggact catcccaggc cttcgagat tatgttagca ccatgtgatg 1020
 gggcccgtac ctacagctct catgctcggt accatcagct tgcaggggct gaagcatggg 1080
 ctgcccagaa cccaaccac cagttctatc tttctctttc tgtgac 1126

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 537 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60
 CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120
 20 AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTTGTTG TTCGTATCTT 180
 TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT 240
 ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG 300
 TTTCTGTTGA CTTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTG 360
 TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA 420
 25 AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT 480
 ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGN 538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 626 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

55

ggaagatgga gcagatggtg ctttttacc c agatgaaata caaaggccac ctgtcagagt 60
 cccctcttgg ggactggaag acaatgttgt ctgcagccag cctgctcgaa acttttagtcg 120
 gcctgatggc ttagaggact ctgaggatag caaagaagat gagaatgtgc ctactgctcc 180
 60 tgatcctcca agtcaacatt tacgtgggca tgggacaggc ttttgctttg attccagctt 240
 tgatgttcac aagaagtgtc ccctctgtga gttaatgttt cctcctaact atgatcagag 300
 caaatttgaa gaacatgttg aaagtcactg gaaggtgtgc ccgatgtgca gcgagcagtt 360
 cccfcctgac tatgaccagc aggtgtttga aaggcatgtg cagacccatt ttgatcagaa 420
 tgttctaaat tttgactagt tactttttat tatgagttaa tatagttagg cagtaaaata 480
 65 gaccactgag gagaccatag agcggatgct ttcatgcacc ctttactgca ctttctgacc 540

aggagctact ttgagtttgg tggtactagg atcaggggtca gtctttggct tatcaataaa 600
 ttttaaatctc tggtaatctt acctgc 626

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

AGGGAGTGCG AATGGCCAGG ATGCCTCACA GAGAAGACAC TGATGTCCCA CTTGTGGGAG 60
 GGAAGTTGTG TAGGTTGGTC AGGGGCCCCA CCATGCGAGA CCTTGAGGTT AAAATAAGGA 120
 CAATCCCAA ACATCAAGTC TGGGCTCATC CCTTCAAAC CAGTGACATG CTGGCATCAG 180
 CTTCTGCTCA CACTGCCTCA CAAAGAAGGC CAAGCCTCCC ATTCTCCCC TGCCAAATGG 240
 CATGACCACA ATGGGAAAGG TACACGGTAA TGAAATTGAT CCCAAGGAAA CCCGATGCCG 300
 GTACTCTCTT CCCACTCTGC GGTCTGCCA AGCACCTTGC CTGGGCACTT GTGTGTGTGC 360
 AAGACTCTAC AGTGTGTTGT CTGCTG 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 847 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

5  agacaaatct tctgcatgtc ggaggaacgg gaattattct gatgaaaaga aagatgctat 60
   gtattgggaa aaaaggcgga aaaataatga agctgccaaa agatctcgtg agaagcgctg 120
   actgaatgac ctggttttag agaacaaact aattgcaact ggagaagaaa acgccacttt 180
   aaaagctgag ctgctttcac taaaattaaa gtttggtta attagctcca cagcatatgc 240
   tcaagagatt cagaaactca gtaattctac agctgtgtac tttcaagatt accagacttc 300
10  caaatccaat gtgagttcat ttgtggacga gcacgaaccc tcgatgggtg caagtagttg 360
   tatttctgtc attaaacact ctccacaaag ctgctgtgcc gatgtttcag aagtgtcttc 420
   agtagaacac acgcaggaga gctctgtgca ggggaagctg agaagtcctg aaaacaagtt 480
   ccagattatc aagcaagagc cgatggaatt agagagctac acaagggagc caagagatga 540
   ccgaggctct tacacagcgt ccatctatca aaactatatg ggggaattctt tctctgggta 600
15  ctcacactct cccccactac tgcaagtcaa ccgactctcc agcaactccc cgagaacgtc 660
   ggaaactgat gatggtgtgg taggaaagtc atctgatgga gaagacgagc aacagggtccc 720
   caagggcccc atccattctc cagttgaact caagcatgtg catgcaactg tggttaaagt 780
   tccagaagtg aattcctctg ccttgccaca caagctccgg atcaaagcca aagccatgca 840
   gatcaaa
20

```

847

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 813 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

50  atcaatatta gttggaagga ccaggcgcag agcctctctc tgtgacatgt gactctgtca 60
   attgaagaca ggacattaaa agagagcgag agagagaaac agttcagatt actgcacatg 120
   tggataaaaa caaaaacaaa aaaaaggagt ggttcaaaat gccatttttg cacagtgtta 180
   ggaattacaa aatccacaga agatgttact tgcacaaaaa gaaattaaat atttttttaa 240
   gggagagggg ctgggcagat cttaataaaa attcaaactc tacttctgtt gtctagtatg 300
55  ttattgagct aatgattcat tgggaaaaata cctttttata ctcctttatc atgggtactgt 360
   aactgtatcc atattataaa tataattatc ttaaggattt tttatttttt tttatgtcca 420
   agtgcccacg tgaatttgct ggtgaaagtt agcacttggt tgtaaattct acttccctct 480
   gtgtgtttta ccaagtattt atactctggt gcaactaact actgtgtgag gaattgggtc 540
   atgtgcaata aataccaatg aagcacaatc aagattatgt actgtgtgtc tgtaaagggt 600
   cagtgaacaat gaaaaagaca gcttggtttt ttcaaaatat agactggatt tcccatagag 660
60  ctcttttaat aggtttccat gactcaataa catagcaaaa tgcctccaga cctaaataag 720
   gtgtttacct actgagggct acagtttacc ctacattttc acagccggat tcaaggtgtt 780
   ctagactact tgtaggcact ttcaaggctc cct

```

813

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 573 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: EST	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	20
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:	25
ggaggctgct gggggcgggcg cgtccagctc tgggccaggg ggtccaaagt gctcagcccc 60	
cggggcacag caggacgttt gggggccttc tttcagcagg ggacagcccc attggggaca 120	
atggcgtctc ttggccacat cttggttttc tgtgtgggtc tcctcaccat ggccaaggca 180	
gaaagtccaa aggaacacga cccgttcact tacgactacc agtccctgca gatcggaggc 240	30
ctcgtcatcg ccgggacact cttcatcctg ggcacacctc tcgtgctgag cagaagatgc 300	
cgggtcaaagt tcaaccagca gcagaggact ggggaacccg atgaagagga gggaactttc 360	
cgcagctcca tccgccgtct gtccaccgcg aggcggtaga aacacctgga gcgatggaat 420	
ccggccagga ctcccctggc acctgacatc tcccacgctc cacctgcgcg cccacggggc 480	
cctccgccgc cccttcccca gccctgcccc cgcagactcc ccctgccgcc aagacttcca 540	35
ataaaacgt gcgttcctc tcgacaaaa aaaaaa 573	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:	40
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 486 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: EST	50
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	60
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:	65

```

gccgcacggc ttgctggggc tgggctcttc ctgcgcgaag tggggaggag gcggttgcg 60
ttagtggacc gggaccggta ggggtgctgt tgccatcatg gctgaccccg acccccggt 120
ccctcgctcc tcgatcgagg acgacttcaa ctatggcagc agcgtggcct ccgccaccgt 180
5 gcacatccga atggcctttc tgagaaaagt ctacagcatt ctttctctgc aggttctctt 240
aactacagtg acttcaacag tttttttata ctttgagtct gtacggacat ttgtacatga 300
gagtcctgcc ttaattttgc tgtttgccct cggatctctg ggtttgattt ttgcgttgac 360
tttaaacaga cataagtatc cccttaacct gtacctactt tttggattta cgctgttga 420
agctctgact gtggcagttg ttgttaactt tatgatgtat atattatctg caagctttca 480
10 tactga 486

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 662 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: EST
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

40 cttttttcct ctactccttc cccttcacac ccccgaggct ggaaggaacc tcggcttccc 60
tgaaagcttg ggggtcccac ccttcttacc ccaccggga ggaacgccc gggccccggg 120
cttgtttctc ctcttgtttt ccttttgggc agtttgatca ctgatcgagt aaggaatgac 180
ctttagattg tgcgactttt gtttttggtt ttttaaattt ttttaaacca agaattgattt 240
45 ctctgcttc cttctcctca ccattctccc agacggagt caaaggccac ttctcaagca 300
gcttttgga ccttcagcct cagagtggaa tcttttaaag acaggacccc tatgtccagg 360
aaaggggaaa aggaactttg ccaatgatag tgaccacagc aaaagcaata aaataataaa 420
ataaaaaaca atagcacagc ccttggttag gtcagcagg aggaggggct gcccggagtt 480
gggtccttg ctggattttg acacagcaac ttcctgtagt gagcactttg tatgaatcgt 540
50 ggacttcctg ttctcaaggc gcagggtattt attctgtatc tgtctagagc acacacaaaa 600
atccaacctt ctaataaaca tgatggcgca gtcccaaaaa aggaaacaga agaagaaaag 660
gg 662

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
 60 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: EST
- 65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

atagattttg aggggaagga gagaggggaag ggtcagggta gagacacccc tcccttgccc 60
ctttcctggg cccagaagtt ggggggaggg agggaaagga tttttacatt ttttaaactg 120
ctattttctg aatggaacaa gctgggccaa ggggccagg ccctgtctc tgtccctcac 180
acccctttgc tccgttcatt cattcaaaaa aacatttctt gagcaccttc tgtgcccagc 240
atatgctagg cccaccagct aagtgtgtgt gggggggtctc tacgccagct catcagtgc 299
ctccttgccc atccttcacc ggtgcctttg ggggaactgt aggaggtggg accttctgtg 359
gggtttgggg atctccagga agcccgacca agctgtcccc tccccctgtg ccaacccatc 419
tcctacagcc ccctgcctga tcccctgctg gctgggggca gctcccagga tatcctgcct 479
tccaactgtt totgaagccc ctctccttaa catggcgatt ccggaggtca aggccttggg 539
ctctccccag ggtctaacgg ttaaggggac ccacatacca gtgccaaggg ggatgtcaag 599
tggtgatgtc gttgtgctcc cctccccag agcgggtggg cggggggtga atatggttgg 659
cctgcatcag gtggccttcc catttaagtg ccttctctgt gactgagagc cctagtgtga 719
tgagaactaa agagaaagcc agaccctaa a 750

```

15

20

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

actaaagaaa acagatggct ggagatgaca tttatccagg gtcactttgt caggccctag 60
gacttaaatc gaagttgaac tttttttatg tttttaacca aatagatagg ggaggggagg 120
aggagagagg aggacagga gagaaaatac catgcataaa ttgtttactg aatttttata 180
tctgagtgtt caaaatatat ccaagcctga gtattgtcta ttggtataga tttttagaaa 240
tcaataattg attatttatt tgcacttatt acaatgcctg aaaaagtgc cccatggat 300
gttaagtaga aattcaagaa agtaagatgt cttcagcaac tcagtaaaac cttacgccac 360
cttttggttt gtaaaagggt ttttatatat ttcaaacagg ttgcacaaaa gttaaaaata 420
tggggtcttt tataaatcca aagtactgtg aaaacatttt acatattttt taaatcttct 480
gactaatgct aaaacgtaat ctaattaaat ttcatacagt tactgcagta agcattagga 540
agtgaatatg atatacaaaa tagtttataa agactctata gtttctataa tttattttac 600

```

60

65

tggcaaatgt catgcaacaa taataaatta ttgtaaactt taacaaaaaa aaaaagtgat 660
 gcttgggtctc aaaggaaaaa ataagatggg aaatgttgat atttacaac ttttctaaag 720
 atgtgtctct aacaataaaa gtttaatttta gagtaa 756

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

35 gggggagaga gggaggcctt tgggcggtgg gggccacggg gaggttggtc ctgggactac 60
 gtgcgggaca ggaggtcagg gctggcaagt ccctcaggcc tccctcggtg cccagcctc 120
 gcgggcccgc taactgcccc gttccaaggg tgccaccgga ccccgctgga gaggaacttc 180
 tccgttggtc gatttcatca ccacccattc ccgattccac gtttccttta agcggggctg 240
 gcggagcgca agggggcaag gaactggatt gcgattggtc agcacgtgcc tcggtcggcg 300
 40 gtacaattgg ctgaggcgct gggccttggg aagcattccc cgacgggatt ggtcgctcgt 360
 ctgcagagc ccgcctcccc cagtacaagc ggccccggg tgggggggga ggaggggact 420
 ccgggaggag gaacatggcg gtggcgacc tcgtctcat tctgatgtg gacatcgact 480
 ccgacggcgt cttcaagtat gtgctgatcc gagtccactc ggctccccgc tccggggctc 540
 cggctgcaga gagcaaggag atcgtgcgcg gctacaagtg ggctgagtac catgcggaca 600
 45 tctacgacaa agtgtcgggc gacatgcaga agcaaggctg cgactgtgag tgtctgggcg 660
 gcgggcgcat ctcccaccag agtcaggaca agaagattca cgtgtacggc tattccatgg 720
 cctatggtcc tgcccagcac gccatttcaa ctgagaaaat caaagccaag taccgccact 780
 acgaggtcac ctgggctaac gacggctact gagcactccc agcccggggc ctgctgcctc 840
 cagcagccac ttcagagccc ccgcctttgc ctgcactcct cttgcagggc tggccctgcc 900
 50 tgctcctcgc gcagcctctg gtgacgtgct gtccaccagg ccttgagagc aggctagcct 960
 ggccacagaa ttaaacgtgt tgccacacct gccggcttct g 1001

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 60 (A) LÄNGE: 896 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

ccaagctgta cttgtcacct cgaattgagc atgcacttgg aggtcctca gctcttcata 60
tcccagcttt tccaggagga ggatgtctca ttgattacgt tcctcaagta tgccacctgc 120
tcaccaacaa ggtgcagtac gtgattcaag ggtatcacia aagaagagag tatattgctg 180
cttttctcag tcactttggc acaggtgtcg tggaatatga tgcagaaggc ttacaaaac 240
tcactctgct gctgatgtgg aaagattttt gttttcttgt acacattgac ctgcctctgt 300
ttttccctcg agaccagcca actctcacat ttcagtccgt ttatcacttt accaacagtg 360
gacagcttta ctcccaggcc caaaaaaatt atccgtacag cccagatgg gatggaaatg 420
aatggccaa aagagcaaag gcttatttca aaacctttgt ccctcagttc caggaggcag 480
catttgccaa tggaaagctc taggaaacac cagtcttgag aggtggccag ccagactgcc 540
tgtccacatg cgtgtcagca catacagccg ctctctggaa gccgcctgga atgtcttcac 600
ggcagcgttt tgctcacaca gcagcttttg cagccccag gcagccccga ctgctgaaat 660
ccaacttgag ctggctggtg gtccctggat cctagagccc ttcacttcgg gttactccct 720
ctttctggcc tctatttctt agttggaaga aataaactca caaattatgg tgcagtaatt 780
ttccggggaa agtaaaagcct caggaatgcc cagcctttc ttccaaagcc tttgtctctg 840
agacctctt aagttctaaga ttaaattgcc ctcgtgttc ttctcttgaa aaaaaa
896

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 580 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: EST

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

cgaaacgtgc gcaggcgccg gccgctgcgc tgcagatggc ggaaatggat ccggtagccg 60
agttccccc gctcccgggt gctgcgcgct gggctgaggc ccttctgcga tgttttacct 120
ggctgcggct gtgtcagatt tctatgttcc tgtctctgaa atgcctgaac acaagatcca 180
gtcatctggg ggcccactgc agataacaat gaagatgggt ccaaaactgc tttctccttt 240
ggttaaagat tgggctccca aagcatttat aatttccttt aagttggaga ctgaccccg 300
cattgtaatt aatcgagctc ggaaggcttt ggaaatttat cagcatcaag tgggtggaggc 360
taatattcctt gagtcacgac agtcctttgt gtttattgta accaaagact cggaaaccaa 420
gttattgcta tcagaggaag aaatagaaaa aggcgtagag atagaagaga agatagtgg 480
taatcttcag tctcgacaca cagcttttat aggtgacaga aactgaagta aaaagccctt 540

```

65

ataggatcaa aaattgttca gggctcttag agatgggtgaa

580

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: EST

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

ggatgcgtgg cggggagcgc cgggctctcc cggaagtctc cctggacgga agtggaaacg 60
 gaaacctttt tagggagtcc aaggtacagt cgccgcgtgc ggagttgtta ctggttactt 120
 35 ggcctcatgg cgggtccgagc ttcgttcgag aacaactgtg agatcggctg ctttgccaag 180
 ctaccaaca cctactgtct ggtagcgatc ggaggctcag agaacttcta cagtgtgttc 240
 gagggcgagc tctccgatac catccccgtg gtgcacgcgt ctatcgccgg ctgccgcac 300
 atcgggcgca tgtgtgtggg gaacaggcac ggtctcctgg taccacaaca taccaccgac 360
 caggagctgc aacacattcg caacagcctc ccagacacag tgcagattag gcgggtggag 420
 40 gagcggctct cagccttggg caatgtcacc acctgcaatg actacgtggc cttggtccac 480
 ccagacttgg acagggagac agaagaaatt ctggcagatg tgtcaagggt ggaagtcttc 540
 agacagacag tggccgacca ggtgctagta ggaagctact gtgtcttcag caatcagga 600
 gggctggtgc atcccaagac ttcaattgaa gaccaggatg agtgtctctc ttttcaagtc 660
 ccttggtgcg gggatgtgaa cgaagcatta agtgattctt gggatgtgta taatgtgtcc 720
 45 ttcgtgcctg aaaccaccag 740

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 857 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

10

ccattcaccatatgaggaacggagtaggaccaagggcagtgggcagcagtcagagcgggg
ctccgaccgcacccctgagcgcagcgcaaggagaaccactccagtgaagggaccaaggag
tccagcagcaactccctcagcaacagcagacatggggctgaggaacggggggctgcagac
tcttcccacgggaagaaggcaagagacagcgagcgcaatcaccggaccacagaggccgag
cccaagcctctggaagagccaaaacacgagaccaaaagctgaagaatctttcagagtac
gctcagacactacagctgggttggaatgggcttctggtgttgaaaaacagctgcttcccc
acgtctatgcatatcctagagggggaccaggggggtgatcagcagtcctcctcaaagaccac
acttctgggagcaagctgacccagctgaagatcgcccagcgcttctgactggaccagccc
aagcttgacgaggtcacacgacgcatcaagcagggggagccccaacggctatgcggctctc
ttagccacccaggcaacccccagtggttggtgactgaggggatgccacagtagagccc
ggtctgcagaggcggttctgaggaacctggtctcctacttgaaacagaagcaggccgcaa
gggtgatcagcttgccagtgggggggtccaagggcagagacggcacaggcatgctctacg
ccttcccacccctgcgacttttcccagcagtacctccagtcagcactaaggacattggggc
aagcttagaagaagaacacattggtgatagtcctcgtcagagacactgcctagcccaagc
ctgtctttcccagcgtc

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

atgggctacaacctgagccccagttcaccagcttctggtctcccgtactgccacgc
tctgccaatcctgccatgcagcttgaccgcttcatccaggtgtgcacccagctgcaggtg
ctgacagaggccttccgggagaaggacacagctgtacaaggcaacatccggctcagcttc
gaggacttcgtcaccatgacagcttctcggtatgctatgaccaacctctgtggagagtg
gagtgcaccaggacctttcctggcttcttagagtgcagagaagtatgtggacatctcttc
tttctctgtccctctagaagaacattctcccttgcttgatgcaacactgttccaaaagag
ggtggagagtcctgcatcatagccaccaaatagtgaggaccggggctgaggccacacaga
taggggcctgatggaggagaggatagaagtgaatgtcctgatggccatgagcagttgag

60

65

5 tggcacagcctggcaccaggagcaggtccttgtaatggagttagtgtccagtcagctgag
 ctccaccctgatgccagtggtgagtggtcatcggcctgttaccgttagtacctgtgttcc
 ctaccaggccatcctgtcaaacgagcccattttctccaaagtggaaatctgaccaagcat
 10 gagagagatctgtctatgggaccagtggttggttctgccacaccataaatccttggtg
 tgtaacttctagctgcctggggctggccctgctcagacaaatctgctccctgggcatct
 ttggccaggcttctgcctctgcagctgggacccctcacttgctgcatgctctgctcg
 gcttcagtctccaggagacagtggtcacctctccctgccaataacttttttaatttgcat
 15 ttttttcatctggggccaaaagtccagtgaattgtaagcttcaataaaaggatgaaac
 tctggaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

45 agcaaaagagaagttttatttggtgccagccattgggtcaccttgggtgatgcaccagatag
 caggcagatggttggttcattggccttcgtcctctttcctcctaaaataattggcctta
 ccatcttaactcagctgtgggttttttggtggttcttggtttggttttggcatgaattgt
 catctttggtggttttttaacccccagcccctcaaaaaaataaggcctccaggtatcaag
 50 gaacacacacacaggtgttctgaccagctcagggttgccacagtgagcaactctgtggct
 atctcatattaggatcttctgtccttaatttttgagcaaaatctggaaaatgtgaaagc
 atatttagatcttatatactatctgaaatgtgatttggttaagattcttaatttgggcct
 cttagaataattttgaaatgagatctaccgactcacttggtgagaatatttttcacagatta
 tctttgggccttttcattagaaagctggttggttggttgccttgggtacatttggttac
 55 ctcatctttgcccgtttcagattgtgaaagctcacaggggtgttttttggaatcatttgctg
 agtcattttctcaaatcatattccattgtatcagttaacatatagttttaaatgtatgta
 ttataaatatctgtaaccaaactcatttgaggcttgataaaatttttaacaaagtttgta
 attttttatgaaagtactagtaatgctttactaagtagtgcaatgaattttttatctta
 60 atccctgtgcccatttttgaggttgagaggggtgttggttaataaatgtatgatgtacact
 taaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 802 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

tttttttcagagtgcagggtttattacaaatggagttgactgctagagaggcccttct
 ccaatctttcttctgtaccttcttccctcccaaagacatccctctaggggaggtcagtag
 gccattaggtaggaggaaatctggagagtgaagggggtctgttttgcagagtcctc
 tgaacaaccactgagtcctgaaggctggctccagttgagaatcttctagtgaagaggtt
 tagctctcatcttcaaggctcttcttctacatcctggggggcttttgccttcttttgc
 cttttgagctgtggttcactagtcctggctggctttgaaggggcttccacttccatggct
 gtcttctctttctgggcaagccggatctgctggaggagttttctgcttcttccctgac
 agtgtaatgttgacgtgcactggacgcccgttcttgagggtggtgccgctgatcagc
 ccttggtctatcacagccccgaccaccgggtgcctcagacgccgctcccgattcaacacc
 cgccggcgtttgaacagcttcttcttcagctccgttcggggccgggtgatctttcccccc
 ggagctcccatagtcgcgattccactccagttcacggtccgtacttccgctcagcgccgg
 atccgcgggctccgccccggccttccgcgggccaatcgcaactcgggggcggtcctcgg
 gctatataaaggagctccgcggtgcgggaggcctttcggagggtggtgagctagtaagtg
 tggttttagctgtagtagccag

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

ccccggtccgcgcggtgggtggtgctgctgctgcatgtccctgcatgggagtcttgtgcca
 gcctgtcagtttctctcccagggcagagctccccttctgcaagagtctgggaggcgggtg
 caggctgtcctgggtgctctggggaagccgaggacagccataacacccccgggacagta
 ggtctgggcgccaccactgggaactctggacttgagtgtgtttgcctcttcttgggtat
 gaatgtgtgagttcaccacagggcctgctctcctcacacattgtgtgtgttgggttaat
 gatggaggggagacacctcctcatagacggcaggtgccacctttcagggagtctcccagc
 atgggaggatgccgggcatgagctgctgtaaactatttgggtgctgctgcttgagtgc
 gtctctgtcgtgtgggtgccaaagtgtgtgtagaaactgtgttctgagccccctttct
 ggacaccaactgtgtcctgtgaatgtatcgctactgtgagctgttcccgcctagccaggg
 ccatgtcttaggtgcagctgtgccacgggtcagctgagccacagtcccagaaccaagctc
 tcggtgtctcgggcccaccatccgcccacctcgggctgacccacctcctccatggacagt
 gtgagccccgggcccgtgcatcctgctcagtggtggcgtcagtgctcggggctgagccccctt
 agctgcttcagtgaaatgtacagtgcccgccagagctgaacctcatgtgttccactccca
 ataaaagggttgacagggaaccccccccc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 777 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

ctctctgccagctgatgtgccctgttgccccccaccccatcccgacagaaccatccctg
 cattccacaggggactcgggcaagggtgccgaagatagacaagaggcacacagagacaga
 ccaactggcagccaggcagccccagaggagagagacattcagacagaggaaagtctccct
 gcccctcattccttccaagatgagaaaaacttgccgccacccccgacactgatgccagg
 gaggtgggaggaagaagtgggaaatttcccttcccagtagccccaagaacgtctgagcct
 tcaatgttgaattttttctttattaaaattacttttatcttataaaatcaactaatcaaa
 aatgatatagacgacagcactggctctgtgaagggtggcatctttctgggcaggcaggcca
 tggggcatggaggagggtgcaaagatatgggttctgtcttctggcctccagctgcatgg
 aggccggcccagggtctagggtgtgcactgggcaagggcagggcggcagggtgtcaggccg
 gcttggaacaaatgaaaccctgaccttgctgcattccttttcttccaccaccactagcttc

tttggaatcttggggtgggggtcatctttggggattatggctgccacccgggatttgagt
 gtagggagtgtagggagcagccttggcagatggggcaccgtgccctgcaggtgttgacaa
 gatccgcatctgtaatgtccttggcacaataaaaccaaagtgcagtttcaaaaaaa

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 501 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

35

ccggattccgccccgcccgtgcatccggttccgctccccacaaccgctctgtggcgg
 ggcttccgggtcgggaggggtccgccagctctcgcgtcctttgctgggtccagacaccggtt
 ccggttgcaaacatttttaaagggtggttattcttccctgaaatgagtttggtgattagaa
 atctgcagcagtcacatccccatcaggagagcgccacttcgcagtaagatcgagattgtaa
 ggaggatttaggagtgacagaaatttgacctggggatcatctgtgttgacaacaagaata
 ttcagcacatttaataagaatctacagagatagaatgtcccaaccgatgtgctttcttttc
 catttcatgagcatctgaaagcaggtgaatttccccagcctgattttccagatgactaca
 atttgggagacattttcctaggagtggagtatatcttccatcagtgtagagaagatgaag
 attacaatgacgtcctgactg

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1104 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

atTTTgaccctaaactTTTggaaggaaaagtaaaggaggatcctgaccagggggaatcca
tgaaacctTTtaacctTTTgcaaggttctacttgccaattctggttcccagcgcaaagaagg
ccatatacatggatgatgatgtaattgtgcaaggtgatattcttgccctttacaatacag
cactgaagccaggacatgcagctgcattttcagaagattgtgattcagcctctactaaag
ttgtcatccgtggagcaggaaaccagtacaattacattggctatcttgactataaaaagg
aaagaattcgtgaagctttccatgaaagccagcattgctcatttaactcctggagtttttg
ttgcaaacctgacggaatggaaacgcagaatataactaaccaactggaaaaatggatga
aactcaatgtagaagagggtgtagcagaaccctggctggttagcatcacaacacctc
ctctgcttatcgtatTTTtatcaacagcactctaccatcgatcctatgtggaatgtccgcc
accttggttccagtgcgtggaaaacgatattcacctcagtttgtaaaggctgccaagttac
tccattggaatggacattttgaagccatggggaaggactgcttcatatactgatgtttggg
aaaaatggtatattccagacccaacaggcaaattcaacctaatccgaagatataccgaga
tctcaaacataaagtgaacagaaatttgaactgtaagcaagcatttctcaggaagtccctg
gaagatagcatgcgtgggaagtaacagttgctaggcttcaatgcctatcggtagcaagcc
atggaaaaagatgtgtcagctaggtaaagatgacaaactgccctgtctggcagtcagctt
cccagacagactatagactataaatatgtctccatctgccttaccaagtgttttcttact
acaatgctgaatgactggaaagaagaactgatatggctagttcagctagctggtacagat
aattcaaaactgctggttggTTTTtaattttgtaacctgtggcctgatctgtaaataaaact
tacattttttcaaaaaaaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GCCATCCTTTATCATCCACAGCAATCCCATCTGGTTGGGAGCACTGCTCTGGGTCTCACA
CTGCCCCCTCCTCTATCCTAGGGAGCCTGAGGCCAGGGGTGGAAAGATCCAGTTGCGGGT
GGGGGGTAGTGAACCGTGCAGGATAATGAAAGCAACTTGCTTTGGAAATGACCTACCGCT
ACCGTTGTCTGAGACTGAGATTATCTCAGACTGTCTTCTGGCTTCTGCCAAAACACTCC

CTTAACAGAAAGCACCGAGGGGATGGGGGTAGGGGGGTGGGGAGAGTGAGGCTTGAGTG
TGAAGGAAGTCTCATATATGCAGAGCTGAAATCTCCCTCTTTGTATGTCCACACTTTTGT
CTTGTTCTCTAGACTGATTCTTGCTATTCCAAATCCTCTCCACGTTGACAGCCCTTCAG
ATATTTCAACACTCCTCTCAGCATCCTCCACTTCCCCCATCTCTCCAAGCTGAACTTGGT
TCACAGGGTGGGATTGTGTATGTGCATGCAGGAGGTGGGGGTGGACAGTGCCCTGGGCTG
GAATCCCCCTTAGTTCTAAGTGCCTCCTTGCCCGCAGCTTCGAGAGCTGTGCCCAGGAGT
GAACAACCAGCCCTACCTCTGTGAGAGTGGTCACTGCTGCGGGGAGACTGGCTGCTGCAC
CTACTACTATGAGCTCTGGTGGTTCTGGCTGCTCTGGACTGTCCTCATCTCTTTAGCTG
CTGTTGCGCCTTCCGCCACCGACGAGCTAAACTCAGGCTGCAACAACAGCAGCGGCACGT
GGAAATCAACTTGTTGGCCTATCATGGGG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 580 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

AGGCGGGCGCACTGAGGCGGGCAGGCGCTGCGGCAGGAGGGAAGATGGCGGACGAGGAGAA
GCTGCCGCCCCGGCTGGGAGAAGCGCATGAGCCGAGCTCAGGCCGAGTGTACTACTTCAA
CCACATCACTAACGCCAGCCAGTGGGAGCGGCCAGCGGCAACAGCAGCAGTGGTGGCAA
AAACGGGCAGGGGGAGCCCTGCCAGGGTCCGCTGCTCGCACCTGCTGGTGAAGCACAGCCA
GTCACGGCGGCCCTCGTCCTGGCGGCAGGAGAAGATCACCCGGACCAAGGAGGAGGCCCT
GGAGCTGATCAACGGCTACATCCAGAAGATCAAGTCGGGAGAGGAGGACTTTGAGTCTCT
GGCCTCACAGTTCAGCGACTGCAGCTCAGCCAAGGCCAGGGGAGACCTGGGTGCCTTCAG
CAGAGGTCAGATGCAGAAGCCATTTGAAGACGCCTCGTTTTGCGCTGCGGACGGGGGAGA
TGAGCGGGCCCGTGTTCACGGATTCCGGCATCCACATCATCTTCCGCACTTGAGTGAG
GGTGGGGAGCCCAAGCCTGGCCTCGGGGCAGGGAGGGCGG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

20 TGGAAATCATGGCAACTACACAGGATGTTGCTTACCAGGACGGAGTTTTGGTATCTTAGT
 ACTGAAGTTAGCACTATGTTTACATGCAAAAGATTAAGGAAAAACCCTTAAAGTGGACA
 GGTATCCAAAGTTCATTTTCTGTGACTCATCAAAGTGACAAAAGACTTGTAACAACCTTG
 CCTGGACTTTTTTTCATTTTACAACAGTTCATCCATTCACAATGATTTTGTTCTCTGCTCC
 25 ATATTTTTTAAATCCCTTAAGCATTGATGAAACACTCTTTAGTGCTATATGCATTTTCTT
 ACTTTTGTAAATGTGACAATTGTCAAAAAATGCACTAAATGTAAATGGAGATTGAA
 CAAGTTCACCTTCCAGCTTATAGGCAACTTTATACAGACTTGAACATTTTCTCCAGTTGT
 TTAGTAAAGTGAAAGAGAAAGGGTTTTCTGCCACAGGATATAACTTTTTTTTATATA
 30 ACAAGCATAACACACCACTGCTTTTGGTGGAAAAGTGAGAATAGTATGTACCTTTTATG
 AAGAAAAATGTAATTTACAATATTCAGTGAGAATGTTACTGCTGATTTTCTTTTCCAAGG
 TGTAGAATATCTTTGATTTATAGAATTCATTTTGAACAGATGATGGTTCCTTTACAG
 ACAATAAAATGGCTGAACATTTTCACAAATAGAGTGTAACGAAGTCTGGATTTCTGATA
 CTTGTTCATTTGGGGGATTTTATTTTACTTTGTTGCTTTAAATTCATGCAGAGAAGTT
 35 GTTGAATGTAGGGGAAATAAAGTTAATTCAAATTTGAAAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

AGCTTTTGTTCACACTTTAAATAGCAGTCCCAGAATGATTTCACTACAGACTCTCTGGAA
 AGCCTGGGAGCTGAATTCCGGAAGATCCCCACATCGATGAAAGCAAAGCGAAGCACCAAG
 CCATCATCATGTCCACGTCGCTACGAGTCAGCCCATCCATCCATGGCTACCACTTCGACA
 CAGCCTCTCGTAAGAAAGCCGTGGGCAACATCTTTGAAAACACAGACCAAGAATCACTAG
 AAAGGCTCTTCAGAAACTCTGGAGACAAGAAAGCAGAGGAGAGGCCAAGATCATTTTTTG
 CCATAGATCAAGATGTGGAGGAGAAAACGCGTGCCCTGATGGCCTTGAAGAAGAGGACAA
 AAGACAAGCTTTTCCAGTTTCTGAAACTGCGGAAATATTCCATCAAAGTTCACTGAAGAG
 AAGAGGATGGATAAGGACGTTATCCAAGAATGGACATTCAAAGACCAAGTGAGTTTGTGA
 GATTCTAACAGATGCAGCATTTTGCTGCTACCTTACAAGCTTCTCTTCTGTCAGGACTCC
 AGAGGCTGGAAAGGGACCGGGACTGGAAAGGGACCAGGACTGAACAGACTGGTTACAAAG
 ACTCCAAACAATTTTCATGCCCTGTGCTGTTACAGAGGAGAACAAAATGCTTTCAGCAAGG
 ATTTGAAAACCTCTCCGTCCCTGCAGGAAAGGATTGACGCTGATAGAAGAGCCTGGACAG
 ATGTAATGAGAACTAAAGAAAACGATGGCTGGAGATGACATTTATCCAGGGTCACTTTGT
 CAGGCCCTAGGACTTAAA

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 456 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

GATTATTGCAAAAAGGGCACGGGGCAGAGGGACTATGTTGTGAGCCTGCGAAAGAAGTTT
 GTGTGGGGACTGTGGGCAGTGAATGCGTTGGGAACAATATGGAAAACCTGGGAGCTGCCTT
 GGAATCTACAGGGCCGGGCTGAAGAAAAGAAGAATGGTATTCATGCAGTTCCCATTTTAC
 AGATGAAAACAAGAGGACTTTTTCTGTGAAGTCAAGAAAGTGGTTACAATGGTACTTTCA
 GCCTGTCCGAATTATGTATTGCCCTCCCCTTTTTATTAATAACATTGAAGTGTGATGGG
 ACAACCACTGAAGCCGTCTGTTGAAACCTGCTGGGACTTTTATGCCATTCTCTTCAACAT
 AAAGAATGGGTGTTTTTGGAGGGGGTGAGAGGAATGGGGAAATGTTGTCAAAGAGTACAA
 TGTTTTAGTTGAGACAGGAGGAATATATTTTGTGTA

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

aatttatttt	tttttcatgg	tctgtcaggt	tttattttata	gagtctggtg	aacttgaact	60
agagaaagct	gcaaaaagtg	gtttggagag	catggcaggg	ccatggagaa	gggctaatag	120
aagcagggtcc	cttgcccaga	ccctcagggg	gcccttttgg	tgatagcgg	acacctgagg	180
caggagggtgg	cagggggcaa	gtccaggcag	gcagcagcag	ggctgcaact	gagagctgag	240
gctggagagg	tagcgctcgc	cctaacctga	tctgcaggt	ctcaggccct	ggggtcatat	300
actcgcccca	tgaagacagg	gaacttgtgc	tgctggtccc	agagcacgaa	gaggaaagggc	360
tgctgcactt	caaagaccag	caggggtgcg	gccacagaga	tggcggaggc	tgcagccgcc	420
tccaccccag	tctctgtcag	ttccagcact	gtctggtgct	gcctgcaga	aacctgaaga	480
tctgggtcct	ctgtcagccc	acacaggtta	aggtcataag	aaaaatcgaa	gaattccaat	540
ttctccatga	ttgagagcat	atcctggctg	gtcgtcactt	tgatgcgggg	tàgtgttagg	600
agagtgggct	ggaacttgga	catctccagt	ttctccatga	tggccttgaa	aacagaaggg	660
ctgagagcct	gttccatgtc	ttcaagacga	tgtttcaggt	tctggggtac	caggatcacc	720
aaactcagat	tgtgggagag	ctgcagctgc	cccaccttgg	ctttcaaagt	ttggtcaatg	780
aaatgggcca	caggggtactt	cttgcatttc	atcatgggca	cttttataac	tgagtttttg	840
aagtgaaggg	gttccattct	ggttttcttg	ggatcaaagt	ttgtcttcca	cttggcactc	900
aggtagatag	cattgaggag	gacaaggcgg	gtatcggagg	gcagactgtc	tagcagccgg	960
ctgatcttgt	tggttggtgt	cttggccacc	caggtgttga	tgagctccaa	agttgaatag	1020
caagaagtac	cctgtggccc	atttcattga	ccaaactttg	aaagccaagg	tggggcagct	1080
gcagctctcc	cacaatctga	gtttggtgat	cctggtaccc	cagaacctga	aacatcgtct	1140
tgaagacatg	gaacaggctc	tcagcccttc	tgttttcaag	gccatcatgg	agaaactgga	1200
gatgtccaag	ttccagccca	ctctcctaac	actacccgcg	atcaaagtga	cgaccagcca	1260
ggatatgtct	tcaatcatgg	agaaattgga	attcttcgat	ttttcttatg	accttaacct	1320
gtgtgggctg	acagaggacc	cagatcttca	ggtttctgct	atgcagcacc	agacagtgtc	1380
ggaactgaca	gagactgggg	tggaggcggc	tgcagcctcc	gccatctctg	tggcccgcac	1440
cctgctggtc	tttgaagtgc	agcagccctt	cctcttcgtg	ctctgggacc	agcagcacia	1500
gttccctgtc	ttcatggggc	gagtatatga	ccccagggcc	tgagacctgc	aggatcaggt	1560
tagggcgagc	gtacactctc	cagcctcagc	tcttcagttg	cagccctgct	gctgcctgcc	1620
tgggaattggc	ccctgccacc	tctgcctca	ggtgtccgct	atccaccaa	agggtccct	1680
gagggctctg	ggcaagggac	cgtgcttcta	attaagccct	tcttccaatg	ggccttgcat	1740
ggc						1743

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	10
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:	15
CTTGACTCCGCCCTCTCTCCCTCTGCCCGCTTTCAATAAGAGGCAGAGACAGCAGCCAGA	20
GGAACCGAGAGGCTGAGACTAACCCAGAAACATCCAATTCTCAAAGCTCGCACTC	
TCGCCCTCCAGCATGAAAGTCTCTGCCGCCCTTCTGTGCCTGCTGCTCATAGCAGCCACCT	
TCATTCCCCAAGGGCTCGCTCAGCCAGATGCAATCAATGCCCCAGTCACCTGCTGTTATA	
ACTTCACCAATAGGAAGATCTCAGTGCAGAGGCTCGCGAGCTATAGAAGAATCACCAGCA	25
GCAAGTGTCCCAAAGAAGCTGTGATCTTCAAGACCATTGTGGCCAAGGAGATCTGTGCTG	
ACCCCAAGCAGAAGTGGGTTTCAGGATTCCATGGACCACCTGGACAAGCAAACCCAAACTC	
CGAAGACTTGAACACTCACTCCACAACCCAAAGAATCTGCAGCTAACTTATTTTCCCCTAG	
CTTTCCCCAGACACCCTGTTTTATTTTATTATAATGAATTTTGTTTGTTGATGTGAAACA	30
TTATGCCTTAAGTAATGTTAATTCTTATTTAAGTTATTGATGTTTTAAGTTTATCTTTCA	
TGGTACTAGTGTTTTTTAGATACAGAGACTTGGGGAAATTGCTTTTCCTCTTGAACCACA	
GTTCTACCCCTGGGATGTTTTGAGGGTCTTTGCAAGAATCATTAATACAAAGAATTTTTT	
TTAACATTCCAATGCATTGCTAAAATATTATTGTGGAAATGAATATTTTGTAACATTAC	
ACCAAATAAATATATTTTGTGTA	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	40
(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	50
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:	65

gccaatcgaatcgtcctgggaggcctttcacagggcggggcctgtccctctacacggcc
 ctcacctgccccaccctctggctggcatcgtggcggtgagctgctggctgcctctgcac
 cgggccttccccaggcagctaattggcagtgccaaggacctggccatactccagtgccat
 5 ggggagctggaccccatgggtgcccgtagcgtttggggccctgacggctgagaagctccgg
 tctgttgtcacacctgccagggtccagttcaagacatacccggtgtcatgcacagctcc
 tgtcctcaggagatggcagctgtgaaggaatttcttgagaagctgctgcctcctgtctaa
 ctagtcgctggccccagtgagtagtacctcagctcatgggggactcagcaagcaagcgtggc
 10 accatcttggatctgagccggtcgagccctgtccccacccttccctgacctgtccttttc
 ccacaggcctctgggggcaggtggcaaggcctggccgggccttccttcctggccttagcc
 acctggctctgtctgcagcaggggcaggtgctttcttatccatttccctggaggcgggc
 cccctggcagcagtagttggaggggctacaggcagctggagaaaggggcccagccgtga
 cccactcactcaggacctcactcactagccccgctttggggccccctcctgtgacctcagg
 15 gtttggcccatggggccctcccaggccctgccccaaactgattctgccagataatcgtg
 tctcctgcctccactcagctgcttctcagtcataatgtggccatggccccgggtcccc
 ttgctgctgtgggctccctgtccctgggcaggagtgtggtgaggaggtggagccttttg
 aggggggccttccctcagctgtttccccacactggggggctggggccctgcctccccgtta
 20 cctccttccctgcaggcctggagcctgtagggctggactgaggttcaggtctcccccca
 gctgtctacccccactttgtccccactctagagcaggagcagtgggggaggagttgt
 gtctcgtcttctgtctccatgtggtttttgggtgttttcttgttgtgtcctggattccg
 ataaaattaaagaaattgcttcctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:41:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

gtttttttttttactgcagaaaattggtggtattttcacattcatagtgtttctatccaa
 60 tttcagtagccacatttaattgaggaaaaaatgttttaccatgaaggaggaattcttaaa
 ttagctgtaattgttaggttgagaaaaatttggtatttagggatttttcaaggtagcatca
 aatcagattttctgtttttttgttaaaaaaatttttttaatcagtagttgtttttacaagt
 aataactttgaaactcttgaaactaatagtctcaaaaactctagaggacagtagtgagaac
 65 acgtattttctattgttctaataaatacatgtttttgaatagttcaatcatgaattattg
 actatgtcttcatcaaaagtgttaatccctctcagggtctctggtgaagaccttcaagag
 tttgggttttttctcccaggaaattggaaggtagaattgttaaattcatagaacttctttta

taatggtgtacctcagcagctgcctttcaatttatgccaaagtccttacagagtttatact
 tgaatagtaaatatgtcttctgagttttacagtgcttaaactcaatgcacatttttttt
 tcttctttttccacccttcttgtttgtagttcattataacctgtcctattacagaactga
 tttccttctgtggtgtacatgttgggtgctggattttttccgtgtcttttagtcttcgg
 atacatgttctcttcttttagcttgtggtgaatacagtaatttgcatg

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1029 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

35

ccctgctgtgaagtcctggcaggtgttggtaatgtgtggaaatgcagtcagcaagtttgc
 tggggagtttgataaaagtataaaacaaaaaagcctcggtataattttgttcca
 cgacttcttctgtagctttacaccagaaggaaggaatgggctacagcaggtagtggagga
 agaggggggtgagcaggtgtattaaaatagcttacgggtaaggcctaaaaggtcaccct
 cggccccctctccaaaagaaggcatgggcacccccaggagaggatggccccaaaaacct
 tatttttatacatagagagtaaataaacatattttttttacaaaaataacttctgaattta
 tcagtgtttttgcccgttaaaaaatattcctctatagtaaattattttattggaagatgacttt
 tttaaagctgcccgtttgccttggcttggtttcatacactgatttttttctatgccagg
 cagtagagtgctctgctgctctgaggagcaggctaccgcacatccactcagccccctcccta
 cccctcaagatttgatgaaaattccaaccatgaggatgggtgcatcggggaagggtgaga
 aggagagcctgcctgctcagggatccaggctcgtagagtcactccctgccgtctcccag
 agatgcttcaccagcacctgcctctgagacctcgctctctgttccagcaaccctgggttg
 ggggtcagacttgatacactttcaggttgggagtggaacccacccaggcctgctgagga
 cagagcagccaggccgtcctggctcactttgcagttggcactgggttggggaggaagaga
 gctgatgagtgtggcttccctgagctggggtttccctgcttgtccagttgtgagctgtcc
 tcggtgttaccgaggtgtgcctagagagtgagatttttgatgaaaggtgtgctcgctc
 tctgcgttctatcttctctctcctccttgttccctgcaaaccacaagataaaggtagtggt
 gtgtctcga

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 736 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

attcctggggttgaaatattttgtagggattgcttattatattatatttttagctgatgaacct
caggacaacggctacagacacacacatacacacgcacacaaaatctcagctggtgaag
25 agtgggcttggaatcagacttctgtgtccagtaaaaaactcctgcactgaagtcattgtg
acttgagtagttacagactgattccagtgaacttgatctaatttcttttgatctaatagaa
tgtgtctgcttaccttggttcccttttaattgataagctccaagtagttgctaattttttg
acaactttaaatgagtttcattcacttcttttacttaatgttttaagtatagtaccaata
30 atttcattaacctggttctcaagtgggttagctaccattctgccatttttaatttttattt
aattttatttgcttgagcacactgatcaaccactgaactgccttcttccattgtcctgca
atgatataagggttacatttttgtgtatatggctttcatagttgggatttcagagcactg
ataccagataattttcagtttgttctctgggggaatttcatttgcatctatgttttttagct
35 atctgtgataacttgtaaataattaaaaagatattttgcttctattggaacattttgtata
ctcgcaactataatttctgtaaacagctgcagtcaaaaataaaacactgaaagttttcatt
ttgcagtggaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1216 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

aactgttccatttttccgtatctgcttcgggcttcacctcatttttttcgctttgccc
 tctgtttcagccagtcgccaagaatcatgaaactcgccagtggaagcaccgccaccgccc
 ccgcgccccagctgcgcgctgaaggccggcaagacagcgagcgggtgcgggaggtggt
 gcgctgtctgtctgagcagagcgtggccatctcgcgctgaaggggccccgggacctggcc
 tgcctgtctggacgagcagcaggtaaacgtgctgctctacgacatgaacggctgttactc
 acgcctcaaggagctggtgcccaccctgccccagaaccgcaaggtgagcaaggtggagat
 tctccagcacgtcatcgactacatcagggaccttcagttggagctgaactcggaatccga
 agttggaacccccgggggccccgagggctgcccgtccgggctccgctcagcaccctcaacgg
 cgagatcagcgccctgacggccgaggtgagatccagatccgaccactagatcatccttat
 accgacggggaaacggaggccagagagggcgctgggcttgaccacttccgtcccatcc
 ttgcggttacctggctatgccccgggtgcctaaggagcctggaaaaagcgctcccccgctc
 tgcttccctggggaagggggcgcttcgctgcgctcggagcggcgctcccttccaaccgccc
 tctcatttcttctcgcttttcacaggcgcatgcttcctcgggacgatcgcatcttgtgt
 cgctgaagcgctccccagggaccggcgacccagccatccagggggcaagaggaatt
 acgtgctctgtgggtctccccaaacgcgcctcgccgatctgagggagaacaagaccgat
 cggcgccactgcgccttaactgcatccagcctggggctgaggctgaggcactggcga
 ggagagggcgctcctctctgcacacctactagtcaccagagactttagggggtgggattc
 cactcgtgtgtttctattttttgaagagcagacattttaaaaaatggtcacgtttggtgc
 ttctcagatttctgaggaaattgctttgtattgtatattacaatgatcaccgactgaaa
 tattgttttacaatagttctgtggggctgttttttctgtattataaacaataatttagatg
 gtgaaaaaaacaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1158 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

GGACCGTGTGTCGGCCGTGGCGCTGCCAAGCTGCCCATCTCGCTCACCAACACCGACCT
 CAAGGTGGCCAGCGACACACAGTTCTACCCTGGCCTCGGGCTGGCCCTGGCCTTCCACGA
 CGGCAGCGTCCACATCGTGCACCGGCTCTCACTGCAGACCATGGCCGTCTTCTACAGCTC
 CGCGGCCCCGAGGCCCTGTGGATGAGCCGGCCATGAAGCGCCCCCGACCGCGGGCCCCGC
 CGTCCACTTAAAGGCTATGCAGCTATCGTGGACGTCACTGGCCCTGGTGGGGATTGACAG
 CCACGGGAAGCTGAGCGTGCTCCGCCCTCTCACCTTCCATGGGCCACCCGCTGGAGGTGGG
 GCTGGCGCTGCGGCACCTGCTCTTCTGCTGGAGTACTGCATGGTGACCGGTACGACTG
 GTGGGACATCCTGCTGCACGTGCAGCCAGTATGGTACAGAGCCTGGTGGAGAAGCTGCA
 CGAGGAGTACACGCGCCAGACCGCTGCCCTGCAGCAGGTCTCTCCACCCGGATCCTGGC
 CATGAAGGCCTCGCTCTGCAAGCTGTCGCCCTGCACGGTGACCCGCGTGTGCGACTACCA

CACCAAGCTCTTCCTCATCGCCATCAGCTCCACCCTGAAGTCGCTGCTGCGCCCCCACTT
 TCTCAACACGCCTGACAAGAGCCCCGGCGACCGGCTGACCGAGATCTGCACCAAGATCAC
 CGACGTCGACATTGACAAGGTCATGATCAACCTCAAGACGGAGGAATTTGTGCTGGACAT
 5 GAACACACTGCAGGGCGCTGCAGCAGCTCTTGAGTGGGTGGGCGACTTCGTGCTGTACC
 TGCTGGCCAGCCTACCCAACCAGGGTTCCCTGCTGAGGCCGGGCCACAGCTTTCTGCGGG
 ACGGCACCTCGCTGGGCATGCTTCGGGAATTGATGGTGGTCATCCGCATCTGGGGCCTTC
 TGAAGCCCAGCTGCCTGCCCCGTGTATACGGCCACCTCGGATACCCAGGACAGCATGTCCC
 10 TGCTCTTCCGCCTGCTCACCAAGCTCTGGATCTGCTGTCGCGATGAGGGCCCAGCGAGCG
 AGCCGGACGAGGCGCTGGTGGATGAATGCTGCCTGCTGCCAGCCAGCTGCTTATCCCCA
 GCCTGGACTGGCTGCCAG

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 689 Basenpaare
 20 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

45 AGAGCGGCCGCCCTCTTTTTTCTCTTTCTTTTTTTTTTTTTTGCATATCAGAAATGC
 ATTTTAATTTTATTTGAAAACAACCTAAATTTTAGACAAATGATTTTAGTATATAAAT
 TTGCTTTTGTTTTATACAGAATATAAAGATTTCCCTCATTAATCTTCCATGTGAAGGGT
 50 ATTACAAGCCTGGAGGAAGATACTTCTGCACACAAGTATGTATCTTATGTGTGCAGTAT
 TGGAAACCAATGGTGTAGTGCTCCTACACATAAATGGGGTCAAGTGACATCACAAATTAA
 AAGGGGGAAGAGAAATATTCTAGTTAATCAGATGCAAGAAGCAAACAAGACGCAAAAAC
 TGTGCAAATAAGACCAAGCCAGTAACTTTAGTTACGACACTGCAGATTACACTGGAATAA
 55 CAGGTTTGTGAGGCTATAGTGTGCACCACATTAAACAGCAAGAAAGAGCTATTTATATA
 GAAAGGCTGGAATGAGGGATTTTACTAAAGCAAATTAACCTTCTGTCAACTGCCAAAAC
 AAAACAAAACCTGAGCATATGAGTGTAGTATACTGAAGGCATGTTATACCAGTTTCTGTG
 CAGCATGCTAAAGTTAGAACTTCTCACTGGTGCTTATCAATCATTAATAGTCACGTTT
 60 TTGCCCCCTTCTTGCCAAATTTGAGGGCAT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1223 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

TGAAGAACTACCTAAGAAGGTCACACCCTCTTCATTCACTTCAGAAATAATACCAACAAC
TGGAGGGAGATCCCAGAAAACCTGATGGACCAGTACAGCGAGGTTAATGCCATCAGCACC
GCCTGCTCCAACGGAGTTCCAGAGTGTGAGGAGATGGTCTCTGGCCTTTTCAAGCAGTGG
ATGGAGAACCCCAATAATAACCCGATCCACCCCAACCTGCGGTCCACCGTCTACTGCAAC
GCTATCGCCAGGGCGGGGAGGAGGAGTGGGACTTCGCCTGGGAGCAGTTCGGAATGCC
ACACTGGTCAATGAGGCTGACAAGCTCCGGGCAGCCCTGGCCTGCAGCAAAGAGTTGTGG
ATCCTGAACAGGTACCTGAGCTACACCCTGAACCCGGACTTAATCCGGAAGCAGGACGCC
ACCTCTACCATCATCAGCATTACCAACAACGTCATTGGGCAAGGTCTGGTCTGGGACTTT
GTCCAGAGCAACTGGAAGAAGCTTTTTAACGATTATGGTGGTGGCTCGTTCTCCTTCTCC
AACCTCATCCAGGCAGTGACACGACGATTCTCCACCGAGTATGAGCTGCAGCAGCTGGAG
CAGTTCAAGAAGGACAACGAGGAAACAGGCTTCGGCTCAGGCACCCGGGCCCTGGAGCAA
GCCCTGGAGAAGACGAAAGCCAACATCAAGTGGGTGAAGGAGAACAAGGAGGTGGTGTCTC
CAGTGGTTCACAGAAAACAGCAAATAGTCCCCAGCCCTTGAAGTCACCCGGCCCCCATGC
AAGGTGCCACATGTGTCCATCCCAGCGGCTGGTGCAGGGCCTCCATTCTGGAGCCCGA
GGCACCAGTGTCTCCCTCAAGGACAAAGTCTCCAGCCACGTTCTCTCTGCCTGTGAG
CCAGTCTAGTTCCTGATGACCCAGGCTGCCCTGAGCACCTCCCAGCCCTGCCCTCATGC
CAACCCCGCCCTAGGCCTGGCATGGCACCTGTGCGCCAGTGGCCTGGGGCTGATCTCAGG
GAAGCCCAGCTCCAGGGCCAGATGAGCAGAAGCTCTCGATGGACAATGAACGGCCTTGCT
GGGGGCCGCCCTGTACCCTCTTTACCTTTCCCTAAAGACCCTAAATCTGAGGAATCAAC
AGGGCAGCAGATCTGTATATTTTTTTCTAAGAGAAAATGTAAATAAAGGATTTCTAGATG
AAAAAAAAAAAAATTAGAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 958 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

GTTGTGGAGGGCCCAGATTGTGGCCACCACGGTGATGCTGGAGCGGAAGTGCCTCGCTGC
CTGTGGCCTCGCTCCGGGATCTGCGGACGGGAGTGTGGCCTGGGAGACCGCTGGTTCCTG
CGGGTGGAAAGACAGGCAAGATCTCAACCGGCAGCGGATCCAACGCTACGCACAGGCCTTC
CACACCCGGGGCTCTGAGGATTTGGACAAAGACTCAGTGGAAAACTAGAGCTGGGCTGT
CCCTTCAGCCCCACCTGTCCCTTCCTATGCCCTCAGTGTCTCGAAGTACCTCCCGCAGC
AGTGCCAATTGGGAAAGGCTTCGGCAAGGGACCCTGAGGAGAGACCTGCGTGGGATAATC
AACAGGGGTCTGGAGGACGGGGAGAGCTGGGAATATCAGATCTGACTGCGTGTTCCTCACT
TCGCTTCCTGGAACCTTGCTCTCATTTTCCTGGGTGCATCAAACAAAACAAAACCAAACA
CCCAGAGGTCTCATCTCCAGGCCCCAGGGGAGAAAGAGGAGTAGCATGAACGCCAAGGA
ATGTACGTTGAGAATCACTGCTCCAGGCCTGCATTACTCCTTCAGCTCTGGGGCAGAGGA
AGCCCAGCCCAAGCACGGGGCTGGCAGGGCGTGAGGAACCTCCTGTGGCCTGCTCATCA
CCCTTCGGACAGGAGCACTGCATGTCAGAGCACTTTAAAAACAGGCCAGCCTGCTTGGGC
GCTCGGTCTCCACCCCAGGGTCATAAGTGGGGAGAGAGCCCTTCCCAGGGCACCCAGGCA
GGTGCAGGGAAGTGCAGAGCTTGTGGAAAGCGTGTGAGTGAGGGAGACAGGAACGGCTCT
GGGGGTGGGAAGTGGGGCTAGGTCTTGCCAACTCCATCTTCAATAAAGTCGTTTTCGGAT
CCCTAAGCGGGAAAAAGGGTACGAGAGGTGAGTTCGAAACAGACCAGCGGGACTGGCC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 572 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GCCCCCTCCTCTAGCTGTGGGGGTGAGGGTCCCATGTGGTGGCACAGGCCCCCTTGAGTG

GGGTTATCTCTGTGTTAGGGGTATATGATGGGGGAGTAGATCTTTCTAGGAGGGAGACAC
 TGGCCCCCTCAAATCGTCCAGCGACCTTCCTCATCCACCCATCCCTCCCCAGTTCATTGC
 ACTTTGATTAGCAGCGGAACAAGGAGTCAGACATTTTAAGATGGTGGCAGTAGAGGCTAT
 GGACAGGGCATGCCACGTGGGCTCATATGGGGCTGGGAGTAGTTGTCTTTCCTGGCACTA
 ACGTTGAGCCCCTGGAGGCACTGAAGTGCTTAGTGTACTTGGAGTATTGGGGTCTGACCC
 CAAACACCTTCCAGCTCCTGTAACATACTGGCCTGGACTGTTTTCTCTCGGCTCCCCATG
 TGTCTTGGTTCCCGTTTCTCCACCTAGACTGTAAACCTCTCGAGGGCAGGGACCACACCC
 TGTACTGTTCTGTGTCTTTCACAGCTCCTCCACAATGCTGAATATACAGCAGGTGCTCA
 ATAAATGATTCTTAGTGACTTTAAAAAAAAA

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1185 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

ACCATAGATTTATTTTAAAGGGAAAATCTCACACATAATTAAGCAGTGGAAAATGTGCT
 CAATGCTATGGTGCCTCAGGCCCTCTGTCTACCAGGTTTCTCCCGCTTCTGCAGAGCTG
 TGGACCCTGTACGTACCAAACAGGTGAACCTGGTCCATCTTTCCTTCTTCTTTTTTGC
 ACATTTGCATTTATATCTTCTGTACTAAAAGAAACAAATTATTTATAATTGGGGTGACA
 ATATAAAGGAACAAAAGATGGGGCAATAGTTGCTTCCTAGCTGGAGCTGTAAGTCCATGT
 TACAGAACTCACTATTTTAAAAGTTTAAAAGATTTATGAACCTTGTCTACAATTCCG
 TGAATACTTATTTGTCTTTTAACTCCCCCTCGGTGTATGGATCATCTTCGTGAGAATGCC
 GTTGTTTCATTGTGAATCAGGGGAAAATGTTAATCATTGGAGACTGTTTTCTTATTACC
 AAATGTACAATCCATAAGACAACCTGAAAGCAACAACCTGCTGGGTTCAGTACAAAGATTA
 TAAAAATCATCACGTTCAAAGTAGAGTTTTAGCCAAGGTCAAGAACTAACCTGGGGCTG
 AGTCAGCGTCTCTACCCACTTAAATAACAGCGTAAAGATCTTCACTAAATTCGTTATGT
 GGTCTGTCTGGATGTAAACCTATATATTTCTTTTGAACAGAATCATATCCTGCAGACT
 CTTGGCACTCCTGCATAGCTTTGACCGAATGTTCACTCTCATCGTAATGGAAGATTTCTA
 TCTATGCAGATAATACATGTTTTTAAATACTGTTTTCTGTTTAGTCCCTCAATCTTCCTAA
 CTCAAATTGGGGACTGAGGAGAGAGAAAGGTGGTTACCCCTGTTACCGTGCCATATTCTT
 CTTGCTGCTTTTCAACCCACGTGATTGTTGATTGACGGTTCTGCTATAATGTGCGTGCC
 CTTCAAGTTTTCAGAAAACTTTCCCAATCATTTCACTTCAATCTTAATTGAACCAAGAGT
 CAAAGTTATTATTTTCTCCGAACGTGTTTGTGATCTTCTGTTATATTTTGGGGCATGTTA
 CCTTTATGGTATATAAGCTGTAGTGCACTCTTGTATTGCAAAAACTGGTCAGTAAT
 TTATGTACATGTATTCCACATTTTAGTGTGCTTGAAGTGACAATC

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:51:

GGGAGAAGGAGGAGGCCGGGGGAAGGAGGAGACAGGAGGAGGAGGGACCACGGGGTGGAG
 GGGAGATAGACCCAGCCCAGAGCTCTGAGTGGTTTCTGTGCTGTCTCTAAACCCCTC
 CACATTCCCGCGGTCTTTCAGACTGCCCGGAGAGCGCGCTCTGCCTGCCGCTGCC
 TGCCACTGAGGGTTCCAGACCATGAGGGCCTGGATCTTCTTCTCCTTTGCCTGGCCG
 GGAGGGCCTTGGCAGCCCCTCAGCAAGAAGCCCTGCCTGATGAGACAGAGGTGGTGGAAAG
 AAAGTGTGGCAGAGGTGACTGAGGTATCTGTGGGAGCTAATCCTGTCCAGGTGGAAGTAG
 GAGAATTTGATGATGGTGCAGAGGAAACCGAAGAGGAGGTGGTGGCGGAAAATCCCTGCC
 AGAACCACCACTGCAAACACGGCAAGGTGTGCGAGCTGGATGAGAACAACACCCCATGT
 GCGTGTGCCAGGACCCACAGCTGCCAGCCCCATTGGCGAGTTTGAGAAGGTGTGCA
 GCAATGACAACAAGACCTTCGACTCTCCTGCCACTTCTTTGCCACAAAGTGCACCCTGG
 AGGGCACCAAGAAGGGCCACAAGCTCCACCTGGACTACATCGGGCCTTGCAAATACATCC
 CCCCTTGCCTGGACTCTGAGCTGACCGAATTCCCCCTGCGCATGCGGGACTGGCTCAAGA
 ACGTCCTGGTCACCCTGTATGAGAGGGATGAGGACAACAACCTTCTGACTGAGAAGCAGA
 AGCTGCGGGTGAAGAAGATCCATGAGAATGAGAAGCGCCTGGAGGCAGGAGACCACCCCG
 TGGAGCTGCTGGCCCGGACTTCGAGAAGAACTATAACATGTACATCTTCCCTGTACACT
 GGCAGTTCGGCCAGCTGGACCAGCACCCCATGACGGGTACCTCTCCACACCGAGCTGG
 CTCCACTGCGTGCTCCCCTCATCCCCATGGAGCATTGCACCACCCGGTTTTTCGAGACCG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 984 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

ATCACTCTTTCTCAGCTCGACTGGAGTTTCTGCACCTTTGCAGGGGCAAAGTAAGTCCCT
GCACCTGAACCACCCCCATTCTGTTTCATTTTCAGCAGATAATGATGGAGGGGGGGGGG
TGTCCATCGTGCTGAGGGTGTGACCGCAAGAGGGTGAAAACCTCCAGCCAACCTTCTCAG
TCCTTTCTCTTGCAGAGGGGAAGCCACCTGCTATACAACTAATACCCCTGCCTTGACC
CCTTCCCCACGACTCAGTTGACAGAAGGATATACTTTGTTATAACTTATTATTTTGTCT
CTGTAAATACAAGATGTTTATAGGAAATATGTATTCTGAACTCTATCTGCAGAATGAGTC
ACTACACCAAATAGTTCTATTATTTAGAATGTGTTAATTTTAAAGGGACCTGATAGGTA
TTTATTTACATATGCGATCCACATTTGTGTGAAAGCATGTGATCATACTAACCCAGCCTC
CTGGAATGTCGCTGTACGATGATTGATGTCTTTTCTCAGTCCATAGTTACAATTGTTTA
GTATGCTAATCAGTCCAGTTCCCTGAGGTTTAAAGATCAAATATAAATTACTCTGCTTTTC
GACTCATTCAGGTAGCATGTACCTGAACCTGATTGCTACTTTTTCATCTTAAATATTAT
ATTTCCCTCATCTAATCTGCCTTCCCCTCATCCACAGACATTTGGAGAAGGAAATGGGAGG
GTGTCTGTTATCCCTTTCTCTTTGCTTTGTCCCGTTGTTAGACTGGCAGCGTCAGTTGC
TCGGTGGGCTTGTTAGAGCCGTGGGTGAGGCAGGTGGCTGGCGGGGACAGGGAGAGGCT
GAGAGGGAAGTGGTGGCATTTACTGCTCTGACACTTCCACTGTCCCTGCTGGGGATGCTG
GGGCCAAGGCCTGTGGGGCCTGTGAAGTGCACAGCCAGGAGCAAGGAACCCACTAAATAC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 621 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

ATGTTTTTTCATTTTTTTCATGTTATCTATCCAAGCACTGTTCCATGGTCAGCAAGTCATA

TTTCATAATGTGGATTTTCCAAAATAATTATTGAATACAGCTATTCTATGGCTACTTTTA
 GTGTTTTTGTGGTATGTGGTGTGGGAGTGTATGGAATTACCAGTATCTTAAATTTTCA
 AAGGAACCTTGGAAGTCTATCACTCTAAATGAAAGTCTGTCACTCTACATGAATTATGTG
 5 CTCAAATTTGACCAACTCAGTTTAAGACACAAAACAGTAATTTGAAGAAGGAAAAATGAA
 GAGAGTTTCTAGTTTAAATGGGTTAAATTTTTGTGTTGCAATAGTAAGTTTAGTCTTCTT
 ATAATATTTCTAAATGAAAAATCATAGGTATTTGTTACCATGTGTGAAGATTACTTTGTT
 AAAAGCAAAAGTGGTTCGTGTGATATGCTAAATGTTAATTACTGATTTTATATGTTTAAAT
 10 CACGCCAAACAAATTATGTCTGTGCCATCCAGGGTCTGTTGTTAATCTTTTTCTGAGTAC
 TTGGATTGGGATAAAGGGCTTGACTATGCACCTTTTATTAAATGAATAAATAGAAAACGT
 TAGTAACAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

GATTTTTATCTAGAACTATATTTACTTAAACCCCCCTCAGGAAAGAGGTTTTAAATCA
 AAGATGGGAAAATCGGAGAAAATTGCCCTTCCCCATGGCCAGCTTGTTTCATGGTATACAC
 45 TTGTATGAGCAACCAAAGATAAACAGACAGAAAAGCAAATATAACTTGCCACTAACCAAG
 ATCACCTCTGCAAAAAGAAATGAAAACAACTTTTGGCAGGATTCTGTTTCATCTGACAGA
 ATTCAGAAGCAGGAAAAAAGCCTTTTAAAAATACCGAGAACATTAAAAATTCGCATTTG
 AAGAAATCAGCATTTCTAACTGAAGTGAGCCAAAAGGAAAATTATGCTGGGGCAAAGTTT
 50 AGTGATCCACCTTCTCCTAGTGTCTTCCAAAGCCTCCTAGTCACTGGATGGGAAGCACT
 GTTGAAAATTCCAACCAAACAGGGAGCTGATGGCAGTACACTTAAAAACGCTCCTCAAA
 GTTCAAACCTTAGATTTTCAGATTTTCAGTATGTGTGTAACATAATTTTCCCATATCCCT
 GGACTCTTGAGAAAATTGGTACAGAAATGGAAATTTGCCTTGTTGCAACATACAATTGCA
 55 AAAGATGAGTTTAAAAAATTACATACAAACAGCTTGATTATATTTTATATTTTGTAAAT
 ACTGTATACCATGTATTATGTGTATATTGTTCACTTGAGAGGTATATTATAGTTTTGT
 TATGAAAGTATGTATTTTGCCCTGCCACATTGCAGGTGTTTTGTATATATACAATGGAT
 AAATTTTAAAGTGTGTGCTAAGGCACATGGAAGACCGATTTTATTTGCACAAGGTACTGAG
 ATTTTTTTCAAGAAACAGCTGTCAAATCTCAAGGTGAAGATCTAAATGTGAACAGTTTAC
 60 TAATGCACTACTGAAGTTTAAATCTGTGGCACAATCAATGTAAGCATGGGGTTTGTCT
 CTAAATTGATTTGTAATCTGAAATTACTGAACAACTCCTATTCCCATTTTGTCTAACTC
 AATTTCTGGTTTTGGTATATATCCATTCCAGCTTAATGCCTCTAATTTAATGCCAACAA
 AATTGGTTGTAATCAAATTTTAAATAATAATAATTGGGGCCCCCCT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

TCCCTTTATTACTATGGCATCAGAGATTGGCTACTGTTTTCTTCTACATGCTAGTGGCG
ATAATTATTCATGCCGTAATTCAAGAGTATATGTTGGATAAAATTAACAGGCGAATGCAC
TTCTCCAAAACAAAACACAGCAAGTTTAATGAATCTGGTCAGCTTAGTGCGTTCTACCTT
TTTGCCTGTGTTGGGGCACATTCATTCTCATCTCTGAAAACCTACATCTCAGACCCAACT
ATCTTATGGAGGGCTTATCCCCATAACCTGATGACATTTCAAATGAAGTTTTTCTACATA
TCACAGCTGGCTTACTGGCTTCATGCTTTTCCTGAACTCTACTCCAGAAAACCAAAAAA
GAAGATATTCCTCGTCAGCTTGTCTACATTGGTCTTTACCTCTCCACATTGCTGGAGCT
TACCTTTTGAACCTGAATCATCTAGGACTTGTCTTCTGGTGCTACATTATTTTGTGAA
TTTCTTTTCCACATTTCCCGCCTGTTTTATTTTAGCAATGAAAAGTATCAGAAAGGATTT
TCTCTGTGGGCAGTTCTTTTGTGTTTGGGAAGACTTCTGACTTTAATTCTTTCAGTACTG
ACTGTTGGTTTTGGCCTTGCAAGAGCAGAAAATCAGAAGCTGGATTTCAGTACTGGAAAC
TTCAATGTGTTAGCTGTTAGAATCGCTGTTCTGGCATCCATTTGCGTTACTCAGGCATTT
ATGATGTGGAAGTTCATTAATTTTCAGCTTCGAAGGTGGAGGGAACATTCTGCTTTTCAG
GCACCAGCTGTGAAGAAGAAACCAACAGTAACATAAGGCAGATCTTCTAAAAAAGGAACA
GAAAATGGTGTGAATGGAACATTAACCTCAAATGTAGCAGACTCTCCCCGGAATAAAAAA
GAGAAATCTTCATAATGAATTATAAACTAATTGATTAATGTCCCCAAAGAAATCTGCTTT
CTACTATATCTTTCAGCATTAGAGATTTTCTGTTCTTGAAAATACAGTCTGTGCTCTTT
GATTTTTGCTATTGTACGGTTTCATGCATTTTTTTAAAGGGCATTGAGGGGAGGATTATT
GCTATGAATGAAAAAATATTTTAGCTTAGACTAAGCTAC

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

CACACTGAGGGTTTTTAACACCATTCTCCCCACTTCTCTCCTGGGTGACATAAGAGAGA
AATAACCTGTAGTACAGCAGCTAAAGTATTCTCCTTTCAGAGAATTTTTTTGGAGGTCTC
TAATATATATTTCCCCCTTGCTCTGTGATCTCTTATTTATACTATATTATTGTCCCATG
TACTTTCTAAACTGAGCTTGGAACATTTAGTATTCTGCAATTGGACTTCCCACTTAACA
ATTATACAGACTTTGCTTTTAGAAATAGATTAGGTTCCAAACAGAAAGTTCAAGTGTAAC
AACAACAATAAAAATAGATTATGAAACAGGCTATAATTGGCTCTTTTGGATTTGATAGGG
GCAAGATGAAAGGCAACTTTCTTGCTTTTGAAATCATGTTGGGTAAGAGGTAAGGAATCC
AGCTACAATTTTATTAGTGCTTGAAACGGGCTTCCTTGAATTCTCCAGGCCCTATCATTT
TTTTTTTTCTTACTAATCAGAAGAGAGCTGGGGTAGAAGCCCCATGTTTGTATTCCATGA
AACACGTCGGGTGGAGTAAAGGCAAAAACAGCTAGACACACCAGGTGTGTCTGTTTGAC
ATTTATAAGCTGGCACTCATCAACACTCCTGTTTCTCCTTCTCTGGGACGTGTGGATTA
AGGGGTGTGAGTTGTGGGAAGAATTGCCCTCGTACCTCCTGGATTTATTATTTTTCTCAA
ATACCAACCAGTAAGATCCCAAATAACTTGAGAAAAATTGTTTCCTGATCTGTCCACTTC
TGGTGTCAAAGATTTTACTCATCTTCTTAGTACATTCTATGTATTTTATATGTATAATTT
TATACAATTAATAAATAGATTTTTGTCTAGTGAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

GTCGGGGAGCGCGGGGCCGGGGCCAGGGGACCCCGGGCCACGGAGAGCGGGAAGAGGAT
GGATTGCCCGGCCCTCCCCCGGATGGAAGAAGGAGGAGTGATCCGAAAATCTGGGCT
AAGTGCTGGCAAGAGCGATGTCTACTACTCAGTCCAAGTGGTAAGAAGTTCAGAAGCAA

GCCTCAGTTGGCAAGGTACCTGGGAAATACTGTTGATCTCAGCAGTTTTGACTTCAGAAC
 TGGAAAGATGATGCCTAGTAAATTACAGAAGAACAAACAGAGACTGCGAAACGATCCTCT
 CAATCAAAATAAGGGTAAACCAGACTTGAATACAACATTGCCAATTAGACAAACAGCATC
 AATTTTCAAACAACCGGTAAACCAGTCACAAATCATCCTAGTAATAAAGTGAAATCAGA
 CCCACAACGAATGAATGAACAGCCACGTCAGCTTTTCTGGGAGAAGAGGCTACAAGGACT
 TAGTGCATCAGATGTAACAGAACAATTAATAAAACCATGGAACACCCAAAGGTCTTCA
 AGGAGTTGGTCCAGGTAGCAATGATGAGACCCCTTTATCTGCTGTTGCCAGTGCTTTGCA
 CACAAGCTCTGCGCCAATCACAGGGCAAGTCTCCGCTGCTGTGGAAGAACCCTGCTGT
 TTGGCTTAACACATCTCAACCCCTCTGCAAAGCTTTTATTGTACAGATGAAGACATCAG
 GAAACAGGAAGAGCGAGTACAGCAAGTACGCAAGAAATTGGAAGAAGCACTGATGGCAGA
 CATCTTGTGCGAGCTGCTGATACAGAAGAGATGGATATTGAAATGGACAGTGGAGATGA
 AGCCTAAGAATATGATCAGGTAACCTTCGACCGACTTTCCCAAGAGAAAATTCCTAGAA
 ATTGAACAAAAATGTTTCCACTGGCTTTTGCCTGTAAGAAAAAAATGTACCCGAGCACA
 TAGAGCTTTTTAATAGCACTAACCAATGCCTTTTTAGATGTATTTTGTATATATATCT
 ATTATTCAAAAAATCATGTTTATTTTGTAGTCTTAGGACTTAAATTAGTCTTTTGTAATA
 TCAAGCAGGACCCTAAGATGAAGCTGAGCTTTTGATGCCAGGTGCAATCTACTGGAAATG
 TAGCACTTACGTAAAACATTTGTTTCCCCCACAGTTTTAATAAGAACAGATCAGGAATTC
 TAAATAAATTTCCAGTTAAAGATTATTGTGACTTCACTGTATATAAACATATTTTTATA
 CTTTATTGAAAGGGGACACCTGTACATTCTTCCATCATCACTGTAAAGACAAATAAATGA
 TTATATTC

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 697 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

gtaggcgctagtctggcgagaggtttctgggagccaagagtggtaatggcgtctgtat
 gatcttcggagcctgctgcatcggaacctcggccagtcataaaagatgacaacagcagcca
 ggccaacctttgaacctgccagaggtggaaggggaaaaggagaaggtgatttgagccaac
 tttcaagcagattcaagcagagacctaccctctcatacaaagataaaatacagacaga
 ctactcaggatgcccctgaagaggttcgtaaccgtgacttcaggagagaggttggagaaa
 gagagagagctgctgcaagagagaaaaataggatcggtccaacccgagaacatacaacct
 cctcttcagtgtaaaaaagccacggttagaccagattcctgccgccaaccttgatgcag
 atgacctctaacagatgaggaagatgaagattttgaagaagaaagtgatgatgata
 ctgcagctcttctgcagaactggaaaaaattaaaaaagaaagagctgaaaagggccaag
 gccaggggaagggaccaagggccaaaaaagctttaaggggggaaggggtttcgttttggg
 aaaacattgggtggcggggaaacctttccctttaattcttgagcttggccattccaagc
 ttaaggccgactttgaaaagtttgaaaggagggtggg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

cgaagaatagaattggccaggacctaggttctcatattcttggtattcctcctggatgga
 aaggctgttggcatcaataggggacagaggctgatgctggagtggccagtagaggtggtg
 gagcagagcagccatcttttaagtgggctgtatcaggctgggtttatttaaaagcaaca
 aaatgttttggtaagaaaattattttgctttcagtgtaaattcttcgcagtggttctaaac
 aaagttcagtcctctgctcgccctttccctcactgatgtctgcacttggttgaggtctc
 ctggagcctcacaggctctgctgttctccacttctcacctgccatccacgccctgcaagc
 tcatgcaaacaccctttcttccctcctgcggcagagttgttcaggttgccctgggcaggggc
 ttaaacagtgccagccctgccatcccaaagctattgttaagccccccaggcgctcctcca
 cccacgcccactagcctgccatgtccacagttccttgggctgctgaggggctagtgcagt
 ggtcctgacctctcttatcaagagcacacttcttggctggttgctccttttgagcatatg
 cgtgtgattatttggaacagttagacttgccacggtgggtcagttttagaaaattgtttgt
 agctagagggaactgggtgtccttccaagtctagcatttggggatggaaaattgttggtg
 gtgtggtagggtttttgttttcttttttgagtttttttccccctttagtctcctggctt
 tttcctttcccttcccttctccactggccnagcttgggcctcatcctcatgtcatccttc
 taggaaggcgcctgccccatcttgtctgcccgcagcatgcatccaaggccagagctcagg
 cctgcagactgggctggtgcctcctccgcttcagggtatgggagttggtgaaggggcttt
 caaaaaataataagaaaaaaaggtaaagtctttggtagcttctatccactcagatcctg
 gaaggcagcaaggttttgtggatctagattcattaggaatgtcttcttgtcagccaggcc
 aggaccgggcttgccaagagcagaggccctcccagcaaccaggataccaccactttggg
 ggctttgtgtacagaggtccgggtctgagacctcataggctgcagaaatctggggcagcc
 accatcaagaagcccctctcaggggccagaactcctttgccagcgtggatttctcaagtc
 gggactgcataattaaagcagttgcagttttattttttttacagcttttttccaaaaat
 gatgtgtagttgtgtgtgcagcacttcgccctgatatgtgtgctctacaataaaaaccaa
 atctaatat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 535 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

tgtattgaggtaataaattgttttactgacaatttttcctttttctacactaaaacaata
tgtgatataatttcccctcttgaaggaggcaattcattaaactctcaaattttctatagaat
caagatagaaccttttagatactccaactcacaaaatgtaaaaaactaacaaaaatatt
tgggtcttcaataatgctaaatatctacatttttagaatttatcaacatttaactagataa
ttgggcatgtcttaattatgcatgtacttatccataactaataaaattgacaatgctagt
catacttattggtttagtcctattatcaggatataatcatctgtgaggaggatatttta
atactgtaaatgataacagttaatgatatacacatttagactgagttgcacactggcagg
gagacaaaaacattacttccatacttgtgtcatgattcttttttttttgagagagtctc
actctgtcgccaggctgggagtacagtggcatgatctcggtcactgcaacctct

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 1097 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

65

GTGATTTGACATTTGAACAAATTAGGAAGCTGAATCCTGCAGCAAACACAGACTCAGGA
 ATGATTTCCCTGATGAAAAGATCCCTACCCTAAGGGAAGCTGTTGCAGAGTGCCTAAACC
 ATAACCTCACAATCTTCTTTGATGTCAAAGGCCATGCACACAAGGCTACTGAGGCTCTAA
 5 AGAAAATGTATATGGAATTTCTCAACTGTATAATAATAGTGTGGTCTGTTCTTTCTTGC
 CAGAAGTTATCTACAAGATGAGACAAACAGATCGGGATGTAATAACAGCATTAACCTACA
 GACCTTGGAGCCTAAGCCATACAGGAGATGGGAAACCACGCTATGATACTTTCTGGAAAC
 ATTTTATATTTGTTATGATGGACATTTTGCTCGATTGGAGCATGCATAATATCTTGTGGT
 10 ACCTGTGTGGAATTTGAGCTTTTCTCATGCAAAAGGATTTTGTATCCCCGGCCTACTTGA
 AGAAGTGGTCAGCTAAAGGAATCCAGGTTGTTGGTTGGACTGTTAATACCTTTGATGAAA
 AGAGTTACTACGAATCCCATCTTGGTTCCAGCTATATCACTGACAGCATGGTAGAAGACT
 GCGAACCTCACTTCTAGACTTTTACGGTGGGACGAAACGGGTTTCAGAACTGCCAGGGGC
 CTCATACAGGGATATCAAAATACCCTTTGTGCTAGCCCAGGCCCTGGGGAATCAGGTGAC
 15 TCACACAAATGCAATAGTTGGTCACTGCATTTTTACCTGAACCAAAGCTAAACCCGGTGT
 TGCCACCATGCACCATGGCATGCCAGAGTTCAACACTGTTGCTCTTGAAAATCTGGGTCT
 GAAAAAACGCACAAGAGCCCCCTGCCCTGCCCTAGCTGAGGCACACAGGGAGACCCAGTGA
 GGATAAGCACAGATTGAATTGTACAATTTGCAGATGCAGATGTAAATGCATGGGACATGC
 20 ATGATAACTCAGAGTTGACATTTTAAACTTGCCACACTTATTTCAAATATTTGTACTCA
 GCTATGTTAACATGTACTGTAGACATCAAACTTGTGGCCATACTAATAAAATTAATAAAA
 GGAGCACTAAAGGAAAA

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

55

TAAGATCCTGACTCTGAAGCTTCAAAGTGACACTGTGGAAATCTGAAACGAGGGGATGTC
 ATGAAGGCAGCTTTTCTTTTCTGAGGAAAAATAGGCATGGGCTACAGGACTATTTAAA
 ATGTCTCATTTACAGTATAAACTCAAAGGTAGATGTAATTTTACACCTATGAGTATTT
 60 GTCCAATTTCTGTCTCTTCTCACCATTGGGTATCTATTCTTTATATGTAAATAAGATAA
 GGTCATCTGATAGCCTTATTCAGTCTTCATCATTTTTATCATTTGTTCCCTATGTAGATTAT
 TGGACATTTATTGTAGCACTACATAACTGATTATAAAAATCTGTAAATGAATTAGCACTT
 TCATATTGAAACAAGCCTGCTAGCCTATGTATAAAATAGCAAAATGTTTGCTGTTTATAA
 65 AAAGATGTAATGGGGTGGGGGGCAGGGGTAATTTCAAGTTATTAATTTAAAAATGAACTA
 GCAATTTTGTACCTGGTGACTTTGTGGTGCACCTCTGATAGTGACTTGAATTCGGT
 ATGTAAAAAGGGGTTAGTGGTATTTTATTGCTGCTAAAAATGACAACTCCCTCTGTGTCC

TGTTTTTCTTAAAGCTGTCAGTGTACAAGTGGGTATTTGAATACCAGACCTTACTGTAAA
 AAATAAAAAAGGTGGTATCTAGAGCATGTAAATTGGATATAAAGTTCTGCTCTTAAAGAG
 TTGATCTAAGAGTATGGCTAAACATCTATATATGCAATCTATTAAAAGAACTTAATTTCGG
 CTATTATGTCCTTGATTTGATTGCAGTTTTTTTCTAATTATAACAAATTTTTCTCATTTGG
 CCTGTTTTTAATCCTGTGCCTAGAAAGGAGTACAAAATGCACACTTTACAAAATTGATATT
 TAACACTTACCCACTCCCCTTTCCCATCTCTTCTACCGCTCTTGTTGATCGTGGTATCT
 GATCTTGACTAGATAGGCTGAAGGCACATGGTTCCCTCCAAAAACCACTATTGATACCAC
 TACAAAAACAAGCCAGCAAAAAGATACTGTAGAGAGGTTGGCTTGCTTCCCTCTCTTCCT
 AACTGCATGTTGAAAAATAAGCCGTTATTGATCTTAAACATCGGTCAGATGAGTCATACA
 TTGGGTTATTTTTTATATACATGTATACACAAAATATTTCAAATTGAAAGCAACATCTTA
 ATGGATTCAAACTATTACAAGCTGTTGTCTAAAACAGGTGAGAAAAAATTTATAACTG
 TAAAAACAAATGCACATATTGATATTTAAATGCGTAATTAAGAAAACCCATTGTTGTTG
 TGTTTTTCTTGATACCAATAATTAAGCCACTACTGTTGGCACTGTTTGGTTTTCTATTT
 TAACACTGAAGGAGTGAAAGTATTTCTATATTTATGAATTTACTACTAAAATCTTGGCA
 AAAAAAGAAAAAATTGTCTAACGTGTGTGGGTGAAAAGTGAATCAAGTGTCTTACT
 CCCCCCGAAAATCCCCTGAAAGTTGGACACCAACTGTATACCCTAGGTTGCTTAAAGGG
 ATTTCACTATTATATAAAGTCAATAAAAATGAAGTAGTTGTATATATGCAACATTGTGTA
 CAGAGGGGAAATAATGAATAGTATTAAAGAAACATTCTCGTCTTCCTTTACCTTTAATCC
 CCTAATACCTAGTCTACTTTTTTAAATTTTCAGACTTCACTGCTTTTTGAATTCATAATC
 TAATTTTCACATTATTGTTAATGGAAAATCATATCTAATAAAGGTTTTAGTTATTCCCAT
 GCACAGTATGAAAATTCTCATTTGCTGAGGTTTTGTTTCAAGAAAATGTATTGGCATGT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:535 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

CTGGGCCCGTCCCCAGGCTCGAGCTCTCTACAACCCTCTCTCCTCAGCGCTTCTTCTTTCT
 TGGTTTGATCCTGACTGCTGTGTCATGGCGTGCCCTCTGGAGAAGGCCCTGGATGTGATGGT
 GTCCACCTTCCACAAGTACTCGGGCAAAGAGGGTGACAAGTTCAAGCTCAACAAGTCAGA
 ACTAAAGGAGCTGCTGACCCGGGAGCTGCCAGCTTCTTGGGGAAAAGGACAGATGAAGC
 TGCTTTCCAGAAGCTGATGAGCAACTTGGACAGCAACAGGGACAACGAGGTGGACTTCCA
 AGAGTACTGTGCTTCTGCTGCTGCATCGCCATGATGTGTAACGAATTCTTTGAAGGCTT
 CCCAGATAAGCAGCCCAGGAAGAAATGAAAATCCTCTGATGTGGTTGGGGGGTCTGCCA
 GCTGGGGCCCTCCCTGTGCGCCAGTGGGCACCTTTTTTTTTTCCACCCTGGCTCCTTCAGAC
 ACGTGCTTGATGCTGAGCAAGTTCAATAAAGATTCTTGAAGTTTAAAAA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1059 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

ggcgggtcccaggcaggcccaagaagctgggcagcctctgccgggttcgggaaaaggagct
 cctgctgccactgctcttccggagcctgcagcatggggcccctgccgcgcaccgtggagc
 tcttctatgacgtgctgtccccctactcctggctgggcttcgagatcctgtgccggtatc
 agaatatctggaacatcaacctgcagttgcggcccagcctcataacagggatcatgaaag
 acagtggaaacaagcctccaggctgcttccccgcaaaggactatacatggcaaatagact
 taaagctcctgagacacccatctccagattcccatccacttccccaaggatttcttgtctg
 tgatgcttgaaaaaggaagtttgtctgccatgcgtttcctcaccgccgtgaacttggagc
 atccagagatgctggagaaagcgtcccgggagctgtggatgcgcgtctggtcaaggaatg
 aagacatcaccgagccgcagagcatcctggcggctgcagagaaggctggtatgtctgcag
 aacaagcccagggacttctggaagatcgcaacgccaaagggtgaagaaccagctcaagg
 agaccactgaggcagcctgcagatacggagcctttgggctgcccatcaccgtggcccatg
 tggatggccaaaccacatgttatttggctctgaccggatggagctgctggcgcacctgc
 tgggagagaagtggatgggcccctatacctccagccgtgaatgccagactttaagattgcc
 cggaggaagcaaacctcttcgtataaaaaaagcaggccatctgcttaacccttggctccac
 cataaggcactgggactcggatttctctatctgatagaggatatttctgtggccctggga
 gctgtctgtcttccccctaccccccaaggatgccaggaagacgtccaccattagccatgtg
 gcaacctttacttctatgcctcacaagtgcctttcagagagccccaattctgctttccca
 caaataaacctaataccatcaggcaaaaacaaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

5

MQKVTILGLLV FLAGFPVLDA NDLEDKNSPF YYDWHSLQVG GLICAGVLCA MGIIIVMSAK 60
 CKCKFGQKSG HHPGETPPLI TPGSAQS 87

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

30

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60
 EGAPYCEGCY TDTLEKCNTC GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA120
 NRPHCVPDYH KQYAPRC SVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE180
 ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

55

AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60
 VSLRVDPSDH GPGGVVADEV PHQKCGWGR RLPGVVPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120
 HVPVQPVVRS ADRPADTPAP SPSKDLLSH 150

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

65

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60
 IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120
 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180
 TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

5

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

25

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

30

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

MALETVPKDL RHLRACLLCS LVKTIDQFEY DGCDNCDAYL QMKG NREVMY DCTSSSFDGI 60
IAMMSPEDSW VSKWQRVSNF KPGVYAVSVT GRLPQGIVRE LKSRGVAYKS RDTA IKT 117 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

55

(A) LÄNGE: 291 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSSEDED 60
 EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
 10 ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
 ADFILLNFSF KDNFPDPFPPF VRVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGWS SAYSIESVIM240
 QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRLCKM AAEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
 LELSVLYKEY AEDDNIYQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSLH EALLDDSKEL120
 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
 40 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSFSI240
 QVEYMDRGEG GTT 253

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

65 EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60
 VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20

SDSASGFSAT SNILFNGADM H

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

25

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

SLEDKKHVII FKCSGNVMPQ VCLFFWRINA VILSQISTHI FNSHV

45 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

65

SLCHENVSLF STLKFSRFTE

20

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

LKFSKPVFAY FFGVQNIVIN VISDLELW

28

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

50 ETSGYLETSG HCYIHLNLT KLFILKQAV MHSPAVASQC SLSNIDVVMF DLYRMLIIQR 60
ILDGIIYVCF TFECYKRK 78

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	5
NMLLFPEYKQ YTHEKKMFFY FCIFIELSN	
39	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:	15
(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	30
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82	
MHRDSCPLDC KVVVGNLGN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAP VEFEDPRDAA 60	35
DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRRS	
FSRSRSRSL S RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRSR S NERK 164	
	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:	
(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83	60
EAALTLCHELL SSWVSLESLT LSYNGLGSNI FRLDLSRAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60	
PILELTRAIV RALPLLRLVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120	
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- 5 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

ILISVNLTCF KKKFLCVRI F IYSLVCRTV

29

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 30 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GDHRADAFMH PLLHFLTRSY FEEGVTRIRV SLWLINKF

38

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- 55 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 65 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86	
IIELSIFEEL LHKTVMTNAF YYIIFSSHAQ STRSTETCEY SAK	43 5
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:	
(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	10
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	15
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	20
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87	25
YLVVMLNQQG QQKLVNILLN NLAH	24
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:	30
(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	35
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	40
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	45
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88	
YIHVFQCSNI EIILVSFIQT VLQTRE	26 50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:	
(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren	55
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	60
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

HKISKVCLLL IAKTNISHIK ACDLILHAAP FLKIKNLSFH GLNYRTFYIR RTTS 54

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

EDGADGAFYP DEIQRPVVRV PSWGLEDNVV CSQPARNF SR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPNNDQS KFEHVESHV KVCPMCSEQF120
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

40 (A) LÄNGE: 282 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

60 DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQPEMEL ESYTREPRDD180
RGSYASIIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240
KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK 282

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60 20
 RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

25

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60 45
 TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALT NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA120
 LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

50

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

5 RTACWGWALP RSGGEEAVAV SGPGPVGVLL PSWLTPTPGT LAPRSRTTST MAAAWPPPPC 60
TSEWPF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

10

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

30 KLADNIYIIE VTTTATVRAS NSVNPksRYR LRGYLCLFKV NAKIKPRDPR ANSKIKAGLS 60
CTNVRTDSKY KKTVEVTIVVK RTCRERML 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

35

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

55 GDTYVCLKST QKSNPEIRGQ TAKLRQDSHV QMSVQTQSIK KLLKSL 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

60

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97	10
FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSFWA V	51
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:	15
(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98	35
FFLYSFPPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPGQ FDH	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:	40
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99	
PLDCATFV FV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF	52 60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:	
(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren	65
(B) TYP: Protein	

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLEGGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPBGD 60
PTPGSPSSLL TSTRVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120
20 AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LEFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60
NSGQPLLPA D LNKGC AIVFY FIILL LLLWS LSLAKFLFPF PGRGPVFKR FHSEAEGAKS120
45 CLRSGL 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQLGGG RERITFFKL LFSEWNKLQ GAQALSSVPH 60
 TPLLSFIQK NIS 73

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

25

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60
 LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFFG SVGGGTFCGV120
 WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA 144

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

35

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTFRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60
 VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPTLSW WA

22

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

35 GRGGGRGRTG RENTMHKLET EFLYLSVQNI SKPEYCLLV
39

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

60 RKQMAGDDIY PGSICQALGL KSKLNFFYVF NQIDRGGE EGQGEKIPC INCLNFYI 59

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108	
GREGGLWAVG ATGRVVLGLR AGQEVRAKGS LRPPSLPQPR GPPNCPVPRV PPDPAGEELL 60	20
RWLISSPPIP DSTFPLSGAG GAQGGKELDC DWSARASVGG TIG 103	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:	25
(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109	
GAGPWAEFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 60	45
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS120	
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY 165	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:	50
(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5 KLYLSPRIEH ALGGSSALHI PAFPGGGCLI DYVPQVCHLL TNKVQYVIQG YHKRREYIAA 60
 FLSHFGTGVV EYDAEGFTKL TLLLMWKDFC FLVHIDLPLF FPRDQPTLTF QSVYHFTNSG120
 QLYSQAQKNY PYSRWDGNE MAKRAKAYFK TFVPQFQEAA FANGKL 166

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

30 PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL 33

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

55 ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

60 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60
HLGAHCR 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFK 60
LTNTYCLVAI GGSNFYVSF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD120
QELQHIRNSL PDTVQIRRV ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLRETEEI LADVLKVEVF180
RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS240
FVPETT 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

AQRKENHSSE GTKESSNSL SNSRHGAER GAADSSHGKK ARDSERNHRT TEAEKPLEE 60

PKHETKKLKN LSEYAQTLQL GWNGLLVLKN SCFPTSMHIL EGDQGVISL LKDHTSGSKL120
 TQLKIAQRLR LDQPKLDEVT RRIKQGSPNG YAVLLATQAT PSGLGTEGMP TVEPGLQRRF180

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYP R SANPAMQLDR FIQVCTQLQV LTEAFREKDT AVQGNIRLSF 60
 EDFVTMTASR ML 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

EHTHRCSQDL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGH LG 35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118		
ATLWLAKKEF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK	40	
		10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:		
(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		15
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		25
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119		30
QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS	33	
		35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:		
(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		40
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		45
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		50
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120		
LSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMV FSFWASRICW RSFLRFFPDS 60		55
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG120		
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161		
		60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:		
(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE

49

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

40

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

45

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF

25

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60
 NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ120
 CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

45

PRPRVAAAV HVPAMGVLCV ACQFPPQGRA PLPARVWEAV QAVLAALGKP RDSHNTPGTV 60
 GLGGTTGNSG LECVCLFLGY ECVSSPRGLL SSHIVWFGVN DGGRHLLIDG RCPFFRESPTS120
 MGGCRA 126

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

5 PVRAWWLLLC MSLRWESCAQ PVSFLPRAEL PFLQESGRRC RLSWLLWGSR
GTAITPPGQ 59

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 15 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

30 PSARGGCCCA CPCDGS LVPS LSVSSPGQSS PSCKSLGGGA GCPGCSGEAE GQP 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 35 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

55 FFFPCQPFIF SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTDATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG 60
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 60 (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129		
CALLPPTPSR TEP SLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60	15	
QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110		
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:		20
(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130		
SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL 60	40	
PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC 102		
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:		45
(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131		
LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R 31	65	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 5 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
 LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKN I QHINRIYRDR NVPTDVLSFP120
 25 FHEHLKAGEF PQPDFDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 30 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYN TA 60
 50 LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPGVFV120
 ANLTEWKRON ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH180
 LGSSAGKRY S PQFVKA AKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWIYIPDPTGK FNLIRRYTEI240
 SNIK 244

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 60 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134	10
PSFIIHSNPI WLGALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60	
PVV 63	
	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:	
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	20
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135	35
DYLRLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSLRI 60	
LAIPNPLPR 69	
	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:	
(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	45
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136	60
QPFYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP 47	
	65
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
 RRAKLRLLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

MADEEKLPPG WEKMSRSSG RYYYFNHITN ASQWERPSGN SSSGGKNGQG EPARVRCSHL 60
 LVKHSQSRRP SSWRQEKITR TKEEALIELIN GYIQKIKSGE EDFESLASQF SDCSSAKARG120
 DLGAFSRGQM QKPFEDASFC AADGGDERAR VSRIPASTSS FRT 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

5

WKSQQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFVSVTH QSDKRLVTTL 60
 PGLFSFYNSS SIHNDFVLC IFFNPLSI 88

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

30

CYMHFLTQVK NVTIVKKCTK M

21

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

55

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

60

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K

21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLSHCEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY
CKLHFSS

60
67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60 20
 SPFTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

25

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNE GYLSTLRVFS LIFCM 55 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

50

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
 NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MQHFAATLQA SLLSGLQRLR RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60
 LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60
 HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSR SANWERLRQG TLRRDLRGII120
 NRGLEDGESW EYQI
 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150	
PKLNSKKYPV AHFIDQTLKA KVGQLQLSHN LSLVILVPQN LKHRLEDMEQ ALSPSVFKAI 60	15
MEKLEMSKFQ PTLTLTPRIK VTTSQDMLSI MEKLEFFDFS YDLNLCGLTE DPDLQVSAMQ120	
HQTVLELTET GVEAAAASAI SVARTLLVFE VQQPFLFVLW DQQHKFPVFM GRVYDPRA 178	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:	20
(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	25
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151	
STLELINTWV AKNTNNKISR LLDSLPSDTR LVLLNAIYLS AKWKTTFDPK KTRMEPFHFK 60	40
NSVIKVPMMN SKKYPVAHFI DQTLKAKVGQ LQLSHNLSLV ILVPQNLKHR LEDMEQALSP120	
SVFKAIMEKL EMSKFQPTLL TLPRIKVTTS QDMLSIMEKL EFFDFSYDLN LCGLTEDPDL180	
QVSAMQHQT V LELTETGVEA AAASAISVAR TLLVFEVQQP FLFVLWDQQH KFPVFMGRVY240	45
DPRA 244	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	50
(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

5 MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KVVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

30 ANRIVLGGF SQGGALSLYTA LTCPHPLAGI VALSCWLPLH RAFPQAANGS AKDLAILQCH 60
GELDPMPV RFGALTAEKLR SVVTPARVQF KTYPGVMHSS CPQEMAAVKE FLEKLLPPV 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

35

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

55 VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

60 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155		
FFFLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI	25	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:		
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren		15
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156		
ISCNVRLEKI WYLG YFGTI KSDFCFEVKK NFFNQYCFYK	40	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:		
(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren		40
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		45
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157		
NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC	60	
IEFKTL	66	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:		
(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren		65

(B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

PCCEVLAVGV NVWKCSQQVC WGV

20

23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

25

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIQN KKS LGIILFH DFFCSFTPEG RNLQQVVEE 60
 EGGEQVY 67

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

50

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

EGEPACSGIQ ARRVTPCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60
 DRAARPSWL T LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

25

FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR

20

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

50

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60
 T 61

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

TSGQRLQTHY YIHAHKISAV EEAWNQTSV SSKKLLH

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

TVPFVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV
RCLSEQSVAI SR

60
72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 354 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

15

DRVSAVALPK LPISLTNTDL KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMVAFYSS 60
 AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG120
 LALRHLLFLL EYCMVTGYDW WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA180
 MKASLCKLSP CTVTRVCDYH TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPKSPGD RLTEICKIT240
 DVDIDKVMIN LKTEEFVLDN NTLQGAAAL AVGGRLRAVP AGQPTQPGFP AEAGPQLSAG300
 RHLAGHASGI DGGHPHLGPS EAQLPARVYG HLGYPGQHPV ALPPAHQALD LLSR 354

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 275 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

45

GSQSRLGISS WLGSRQHSST SASSGSLAGP SSRQQIQSLV SRRKSRDMLS WVSEVAVYTG 60
 RQLGFRPQM RMTTINSRSM PSEVPSRRKL WPGLSREPWL GRLASRYSTK SPTHCKSCCS120
 ALQCVHVQHK FLRLEVHDHL VNVDVGDLAG DLGQPVAGAL VRRVEKVGAQ QRLQGGADGD180
 EEELGVVVAH AGHRAGRQLA ERGLHGQDPG GEDLLQSGSL ARVLLVQLLH QALYHTGLHV240
 QQDVPPVVAG HHAVLQQEEQ VPQRQPHLQR VAHGR 275

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY

25

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI

20

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLEWQLT RS

32

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171	10
IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFHLHLIN	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:	15
(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	30
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173	35
EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y	51
:	
(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173	
LFIHFRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNQVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI 60	60
HPNLRSTVYC NAIAQGEEEE WDFAWQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT120	
LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR180	
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 239	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:	65

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

MYVENHCSR P ALLQLWGRG SPAQARGWQG VRNSPVACSS PFRQEHCMSE HFKNRPACLG 60
ARSPPQGHKW GESPSQGTQA GAGKCRACGK RVSEGDRNGS GGGKWG 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

HRFILKGKIS HIIKQWKMC S MLWCVRPSVY QVSPAFCRAV DPVRTKQVNL VHLSFFLFLH 60
ICIIYIFLY 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

TLSYNSLNTY LSFKLPSVYG SSSSECRCFI VNQGKMLIIW RLFSYYQMYN P 51

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 27 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

KQQLLGSLTK IIKIITFKVE FLAKVKN 27

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

50

TYIFPFETES YPADSWHSCI ALTECSLSS 29

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

GERKVVTPVT VPYSSCCFST PRDC

24

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1780

TQESKLLFSP NVFVIFCYIL GHVTFMVYKL

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

55

MRAWIFFLLC LAGRALAAPQ QEALPDETEV VEETVAEVTE VSVGANPVQV EVGEFDDGAE 60
ETEEVVVAEN PCQNHCKHG KVCELDENNT PMCVCQDPTS CPAPIGEFEK VCSNDNKTFD120
SSCHFFATKC TLEGTKKGHK LHLDYIGPCK YIPPCLDSEL TEFPLMRDW LKNVLVTLYE180
RDEDNNLLT 189

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182	
KQKLRVKKIH ENEKRLEAGD HPVELLARDF EKNYNMYIFP VHWQFGQLDQ HPIDGYLSHT 60	
ELAPLRAPLI PMEHTTRFF ETVTX 85	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183	
(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183	
YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60	
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL 109	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:	
(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184	

SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR

33

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

25 HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV

46

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

50 VEGTCSDBGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWQHQ PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60
HGSNQAHRAT DAASLTGTGK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187	
RGHAVTEYLV GLLLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRVAV NATTSLSASP CPRQPPASPT	60
ALTKPTEQLT LPV	73
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	15
(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188	
MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFFPK	28
	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	
(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189	55
LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR	60
HKTVI	65
	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:	
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	65
(B) TYP: Protein	

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY

30

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T

41

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

65

YKPFIPQVL RKRLTTDPGW HRHNLFQVI

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

20

SSHMTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN

33

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

45

TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSAKRNENN 60
 FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL KKSFLTEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP120
 KPPSHWMGST VENSQNREL MAVHLKTLLK VQT 153

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

10 SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSEFN ESGQLSAFYL 60
 FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120
 EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180
 SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240
 MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300
 15 EKSS 304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

20

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

40

LYKIIHIKYI ECTKKMSKIF DTRSGQIRKQ FFSSYLGSIW LVFEKNNKSR RYEGNSSHNS 60
 HPLIHTSQRK EKQEC
 75

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

65

VKSLTPEVDR SGNNFSQVIW DLTGWYLRKI INPGGTRAIL PTTHTP

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

20

YIFPPCLCDL LFILYYCPMY FLN

23

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

25

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

HKREITCSTA AKVFSFQRIF LEVSNIYFPL VSVISYLYYI IVPCTF

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

50

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSPGKKFRSK 60
 PQLARYLGNT VDLSSFDFRT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120
 IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFW EKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
 5 GVGPGSNDET LLSAVASALH TSSAPITQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
 KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

30 KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPST KIKYRQTTQD APEEVRNRDF 60
 RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDTEE120
 ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPQK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL180
 35 SLAHSKLLAD FEKFERRV 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- 40 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG 55

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- 65 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

15

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60
EGAFKK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

20

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

40

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60
QHASKARAQA CRLGWCLLRV RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS120
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPLWG LCVQSRGSET S 161

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

65

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KIKLQLL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- 5 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG 32

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 30 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60
 IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 55 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

5

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

30

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

35

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

55

DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECLNH NLTIFFDVKG HAHKATEALK 60
KMYMEFPQLY NNSVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH120
FIFVMDILL DWSMHNILWY LCGISAFMLQ KDEVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK180
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF 204

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 211

KLNPVLPCT MACQSSTLLL LKIWV

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 212

IVQFADADV N AWDMDNSEL TF

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 213

NVNSELSCMS HAFTSASANC TIQSVLILTG SPCVPQLGQG RGSCAFFQTQ IFKSNSVELW
HAMVHGGNTG FSGSGKNAV TNYCICVSHL IPQGLG

60
196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	5
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	10
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214	20
SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI	33

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	30
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	35
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	40
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215	45
NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60	
T	61

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF

24

5

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 52, 53 und 56-62,
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 3, 4, 6-8, 11, 15, 17-21, 23, 24, 26-33, 35, 36, 40-43, 45, 46, 50, 52, 53 und 56-62, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 64, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 67-70, 71, 73-81, 84-89, 93-109, 111-114, 116-137, 139-149, 153-164, 166-172, 181-182, 188-193 und 196-216.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, zur Herstellung eines Arznei-

mittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 5

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 64.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 10

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

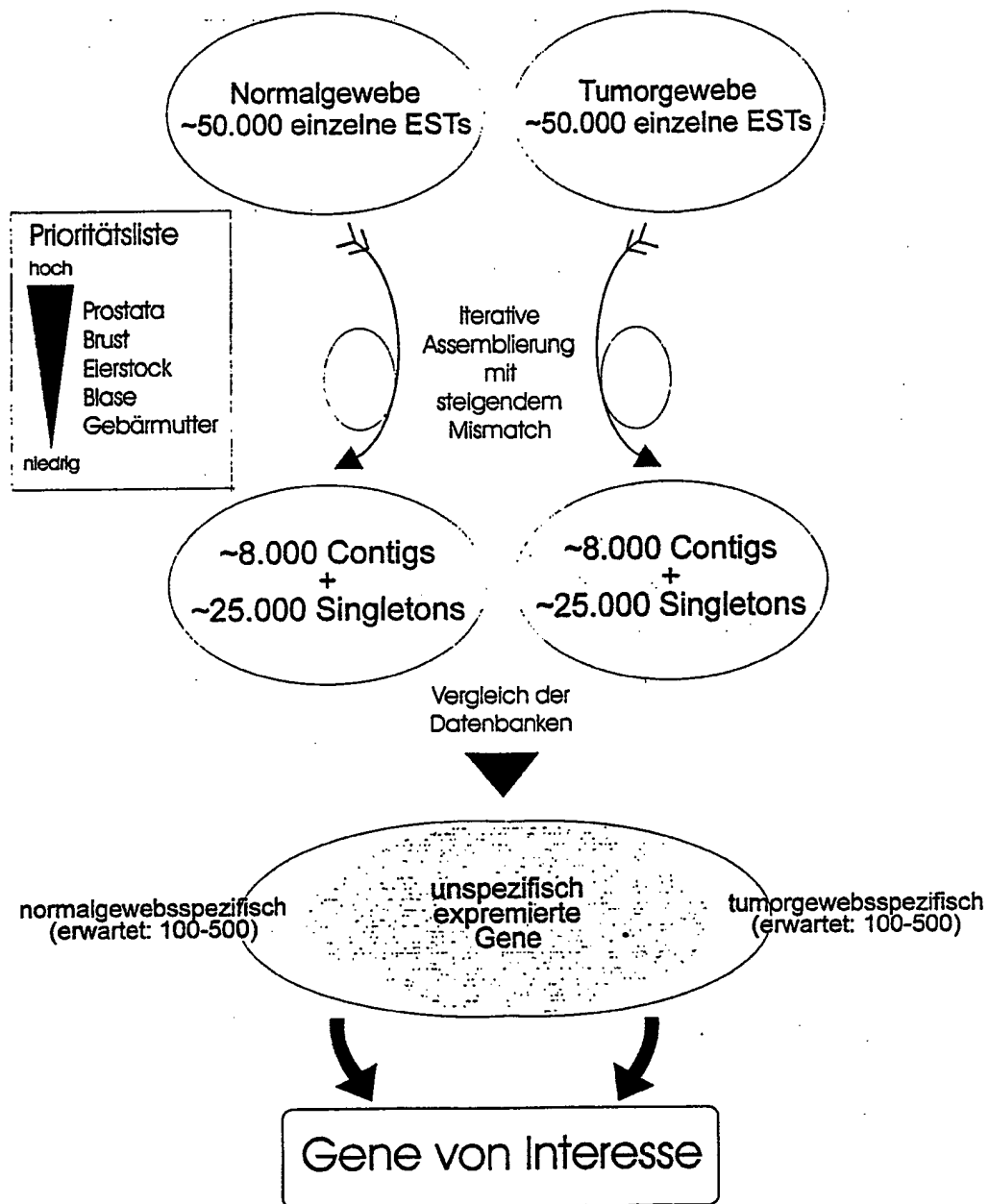


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

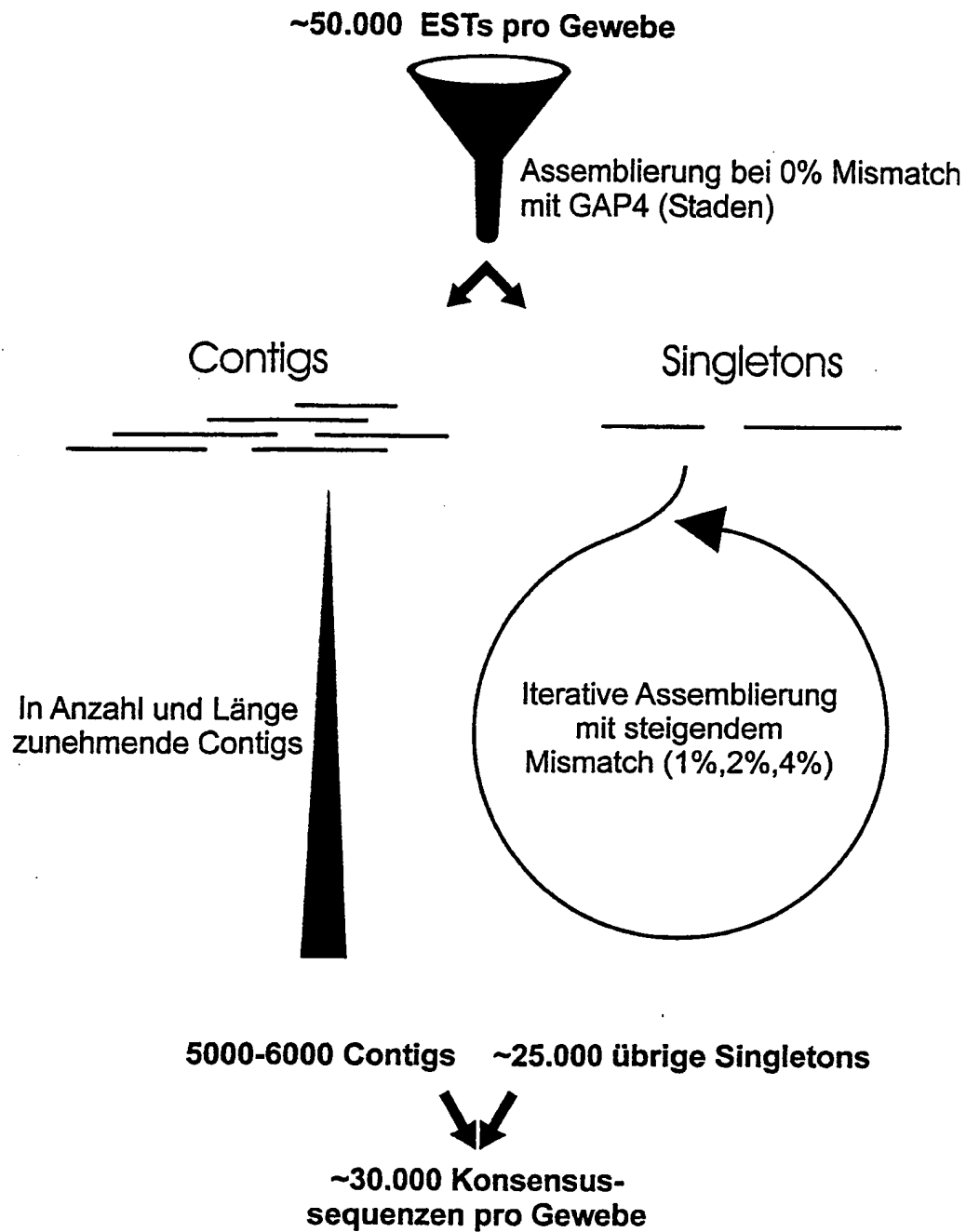


Fig. 2a

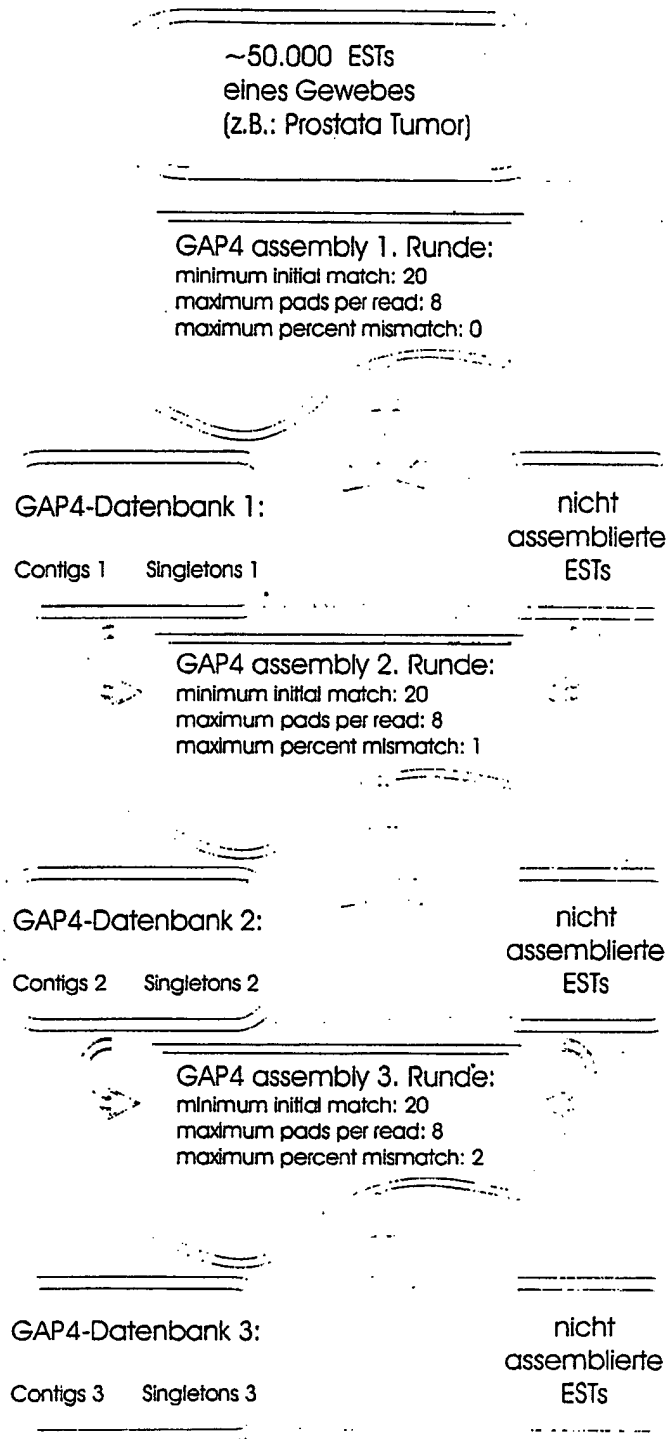


Fig. 2b1

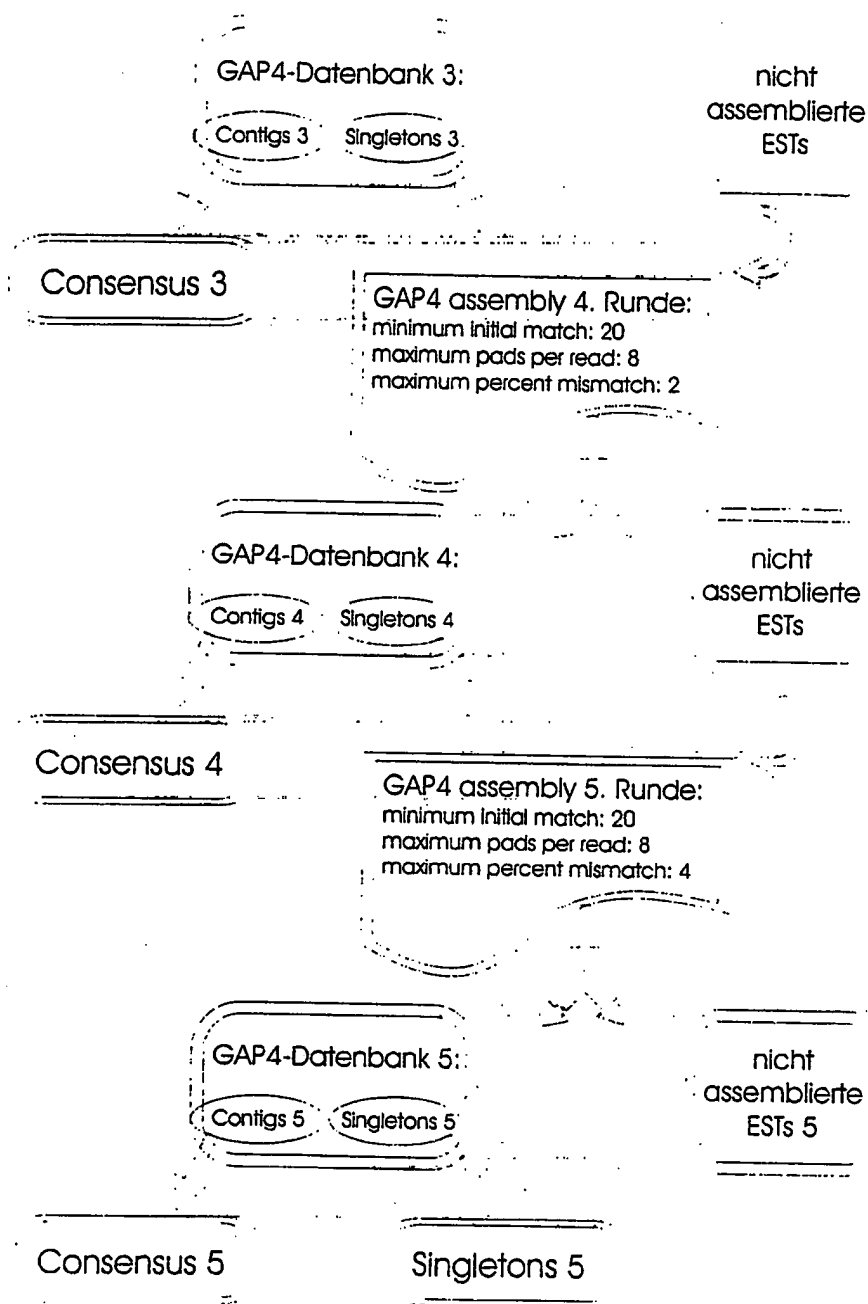
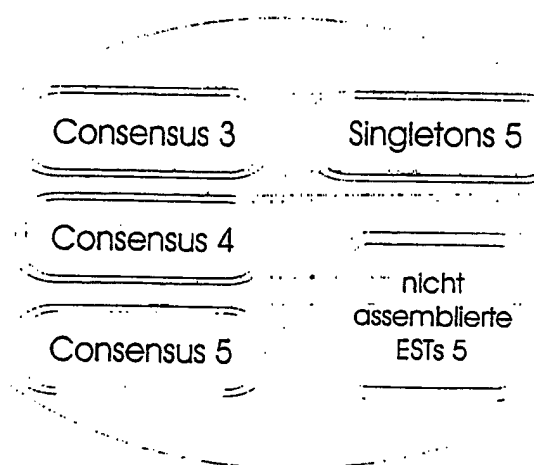


Fig. 2b2



GAP4 assembly 6. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pods per read: 8
maximum percent mismatch: 4

assemblierte Datenbank
eines spezifischen Gewebes
(z.B.: Prostata Tumor)

Fig. 2b3

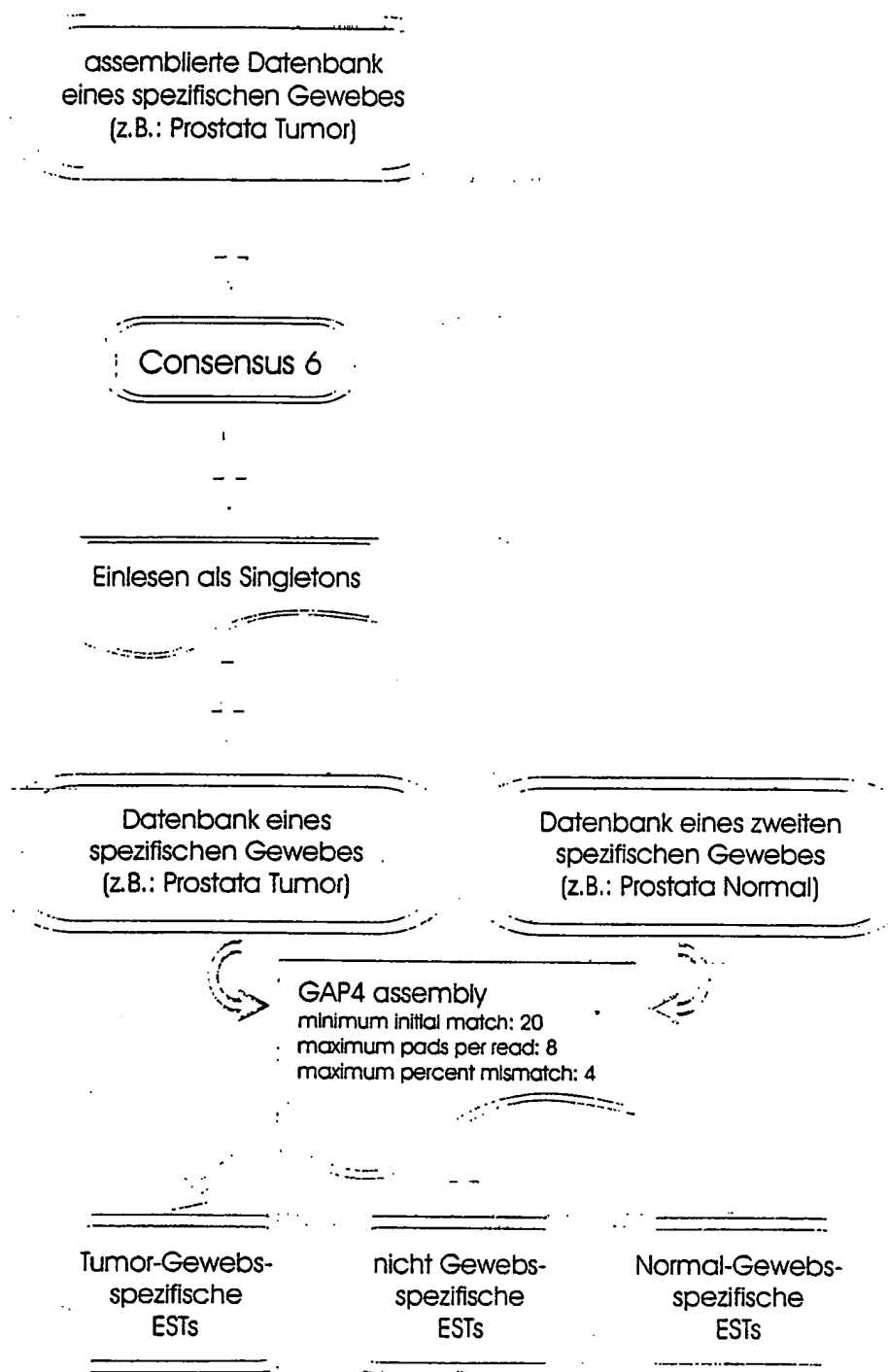


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

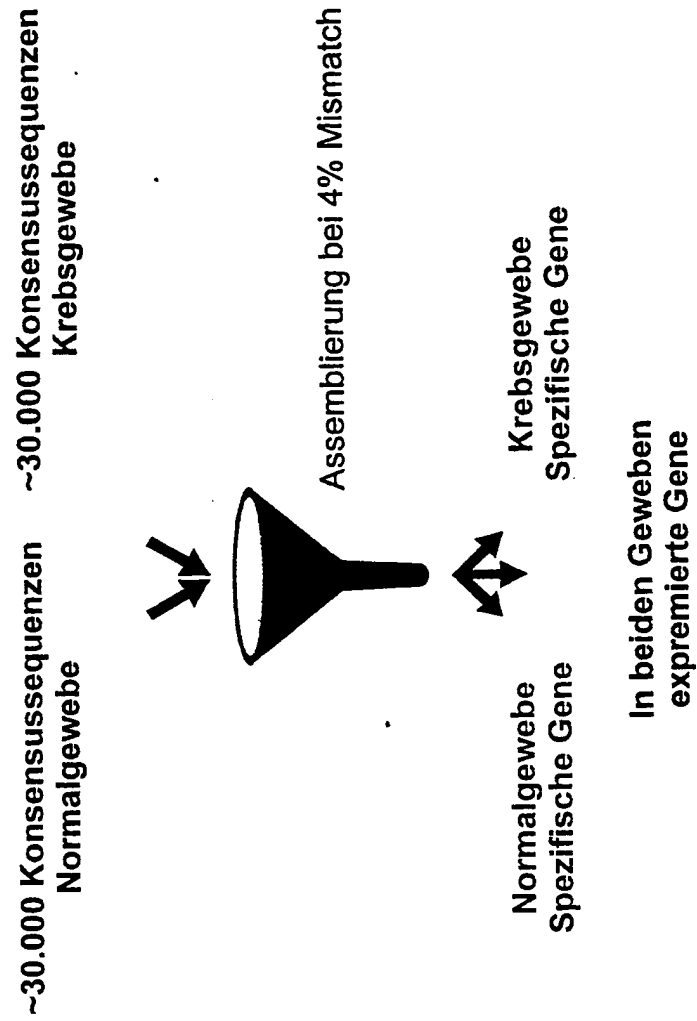


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

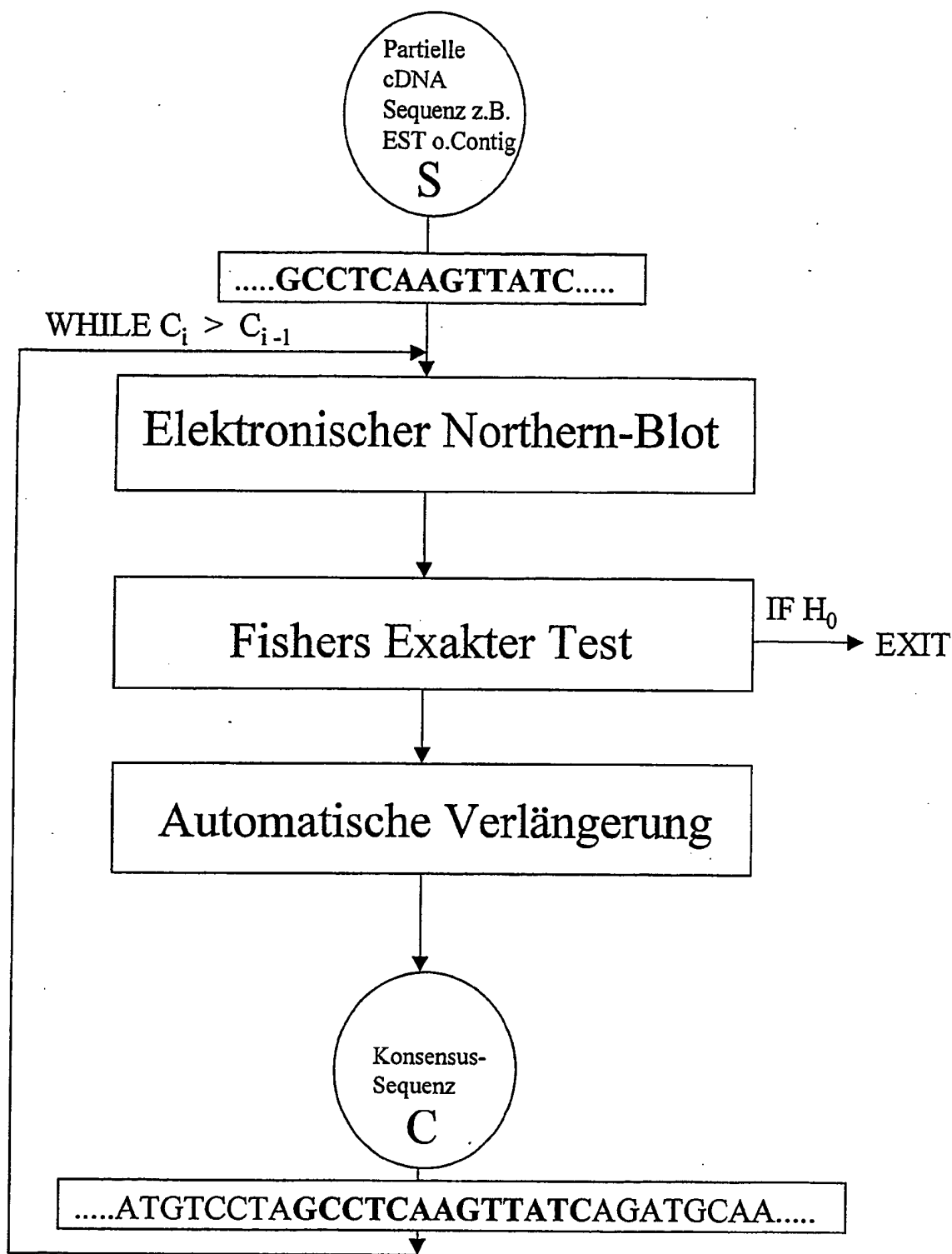


Fig. 4b

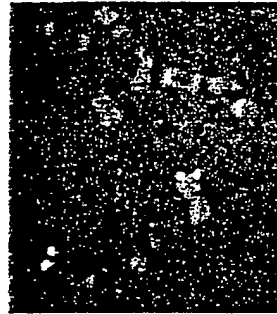
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



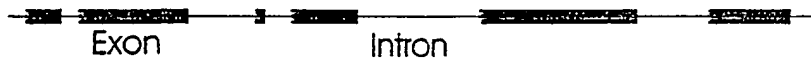
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5